第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会
暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

会议手册

2025 CHINA YUNNAN 8.28-8.31 昆明



目 录

CONTENTS

一、欢迎辞 01

二、组织机构 03

三、会议安排 05

四、会议议程 08

五、特邀嘉宾介绍 23

六、赞助商海报 29

七、论文摘要集 34



壹

欢迎辞



欢迎辞

为了推动我国水生态系统的保护与修复研究以及环境DNA技术在生态健康评估中的应用，交流最新研究成果和实践经验，促进相关领域学者之间的学术对话与合作。经研究决定，拟定于2025年8月28日-31日在云南昆明召开第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会。本次会议将围绕水生态系统完整性评价方法、修复技术以及环境DNA技术在生态监测与健康评估中的应用等主题展开深入讨论。

本次大会汇聚了环境DNA与水生态完整性研究领域的顶尖专家团队，包括院士级学者、国家"万人计划"科技创新领军人才、国家杰出青年科学基金获得者、长江学者特聘教授等6位国家级高层次人才，以及10余位省部级领军人才和5位国际权威学术组织会士及期刊主编。来自中国科学院、北京大学、香港城市大学、中国环境科学研究院等35家知名高校与科研机构的46位专家将带来精彩报告。大会将为参会者搭建高水平的学术交流平台，诚邀国内外专家学者踊跃报名，共同推动环境DNA技术与水生态保护的创新发展。

贰

组织机构



主办单位

云南大学生态与环境学院

中国环境科学研究院

中国环境监测总站

昆明学院

协办单位

中国环境科学学会青年科学家分会

云南省生态环境监测中心

中国电建集团昆明勘测设计研究院有限公司

中国地理学会湖泊与湿地分会

《湖泊科学》

云南省高原山地生态与退化环境修复重点实验室

深圳市环境科学研究院

赞助单位

南京易基诺环保科技有限公司

深圳华大智造科技股份有限公司

天根生化科技（北京）有限公司

壹健生物科技（苏州）有限公司

学术委员会（以姓氏笔画排序，*为责任发起人）

主席： 吴丰昌

委员： 王业耀　王雨春　王备新　王海军　闫振广　孙福红*　李宏俊　杨江华
杨　军　吴　军　张　远　张　咏　张效伟*　陈立顶　陈家长　陈　锋
范子武　范俊韬　林财富　金小伟*　战爱斌　段昌群　姚　蒙　夏　瑞*
徐东炯　徐　杉　唐晟凯　梁美仪　谢林伸　蔡永久　廖小林　霍守亮

组织委员会（以姓氏笔画排序）

杨江华　张丽娟　范俊韬　孙福红　张效伟

会议安排



时间地点

会议时间：2025年8月28日-31日

会议地点：云南丽水云泉大酒店（云南省昆明市呈贡区聚贤街768号）

会议议程

8月28日：环境DNA理论与技术培训注册报到

8月29日：环境DNA理论与技术培训；学术研讨会注册报到

8月30日：开幕式、特邀大会报告和分会场论坛

8月31日：分会场论坛、特邀大会报告和闭幕式

大会报到

报到地点：云南丽水云泉大酒店（云南省昆明市呈贡区聚贤街768号）

联系电话：0871-67468888

会议住宿

云南丽水云泉大酒店：单间/标间：380元/间/晚（含早）。在酒店大堂总台交费，开具发票，中午14:00前退房。

会议证件

会议期间，仅通过注册的参会代表可进入会议场所，为便于身份识别请参会代表佩戴“参会证”出入所有场所。

会议联系方式

会务综合：耿　平 15368715264

注册报名：郑　泽 15368064680（微信同）

住宿餐饮：李　玲 18064868318（微信同）

会议参会代表群

群聊：第六届 eDNA 大会群

该二维码7天内(9月1日前)有效，重新进入将更新

肆

会议议程



会议议程一览表

日期	时间	内容	地点
8月28日	10:00-22:00	培训注册报到	酒店大堂
8月29日	10:00-22:00	学术研讨会注册报到	
	13:00-22:00	学术海报张贴	2楼外场区域
	08:50-12:10	环境DNA培训	2F云龙厅
	12:10-13:30	午餐	
	13:30-16:40	环境DNA培训	2F云龙厅
	16:40-17:40	环境DNA技术答疑与培训证书颁发(电子证书)	
	17:40-19:00	晚餐	
	18:30-21:04	研究生专场	2F云轩厅
8月30日	08:30-12:10	开幕式及大会特邀报告	2F国际会议中心
	13:30-17:40	主题1：水生态系统完整性研究前沿与进展	2F云轩厅
		主题2：海岸与海洋环境DNA	2F云龙厅
		主题3：生物多样性监测与生态健康评估	2F云图厅
8月31日	08:30-12:30	主题4：渔业资源调查与评估	2F云轩厅
		主题5：长江流域重要指示物种与生态健康评估	2F云龙厅
		主题6：入侵与有害生物监测	2F云图厅
	13:30-16:30	大会特邀报告及闭幕式	2F云轩厅

8月29日技术培训议程

会议地点：2F云龙厅

时间	内容	讲师	单位	主持人
08:50-09:00	开班仪式	张效伟	云南大学	杨江华
09:00-10:00	环境DNA生物监测和评价技术体系标准化	张效伟	云南大学	
10:00-11:00	环境DNA技术——进展与前沿	姚　蒙	北京大学	
11:00-11:10	茶歇			
11:10-12:10	环境DNA实时定量PCR与数字PCR监测技术	杨　军	中国科学院城市环境研究所	
12:10-13:30	午餐			
13:30-14:30	环境DNA宏条形码数据分析	杨江华	南京师范大学	王志浩
14:30-15:30	环境DNA采集实操培训	王志浩	扬子江生态文明创新中心	
15:30-15:40	茶歇			
15:40-16:40	二代测序与三代测序详解及实操	彭　程	华大智造	
16:40-17:40	环境DNA技术答疑与培训证书颁发(电子证书)			

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

8月30日上午 大会特邀报告议程

会议地点：2F国际会议中心

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
08:30-08:50	嘉宾致辞				张效伟
08:50-09:20	Scalable Biodiversity Measurement（可扩展的生物多样性测量）	Douglas Yu	中国科学院昆明动物研究所	研究员	段兴武
09:20-09:50	Enhancing Marine Resource Monitoring with eDNA Technology	梁美仪	香港城市大学	教授	
09:50-10:20	云南高原湖泊保护与治理：进展、困局与突围	段昌群	云南大学	教授	
10:20-10:40	合影与茶歇				
10:40-11:10	从科技突破到成熟应用--环境DNA技术展望	张效伟	云南大学	教授	金小伟
11:10-11:40	基于非损伤性的海洋哺乳动物种群健康评估：挑战与机遇	刘文华	汕头大学	教授	
11:40-12:10	汉江藻类完整性模拟与跨介质环境系统架构	夏　瑞	中国环境科学研究所	研究员	
12:10-13:30	午餐				

8月30日下午 主题1：水生态系统完整性研究前沿与进展

会议地点：2F云轩厅

报告形式：每个报告分享15分钟，讨论5分钟

召 集 人：孙福红、夏瑞、王雨春、闫振广、张远

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
13:30-13:50	城市公园微型真核生物的跨生境迁移有助于维持生物多样性和生态功能	杨　军	中国科学院城市环境研究所	研究员	吴丰昌院士
13:50-14:10	从数量驱动到质量约束：揭示湖泊食物网结构演化的新机制	郭　芬	广东工业大学	教授	
14:10-14:30	富营养化湖泊新污染物识别方法及藻类响应机制	孟祥周	同济大学	教授	
14:30-14:50	沉积物eDNA揭示筑坝引发三峡水库藻类和鱼类群落结构改变	王敬富	中国科学院地球化学研究所	研究员	
14:50-15:10	富营养化驱动下湖泊关键生源物质循环及生态功能响应机制	肖宜华	青岛理工大学	教授	
15:10-15:25	茶歇				
15:25-15:45	长江水生态完整性关键影响因子研究	闫振广	中国环境科学研究院	研究员	吴丰昌院士
15:45-16:05	汉江水生态完整性评价与诊断	孙福红	中国环境科学研究院	研究员	
16:05-16:25	基于微生物指标的长江干流生物完整性评价	曾　艳	中国科学院地球化学研究所	副研究员	
16:25-16:45	滇池藻型稳态逆转过程模拟：营养阈值、恢复时间与多维调控	高　伟	广东工业大学	副教授	
16:45-17:05	江湖关系变化下洞庭湖水生态退化特征与模拟	田泽斌	中国环境科学研究院	高级工程师	
17:05-17:25	环境DNA解析长江流域微生物多样性	胡愈炘	生态环境部长江流域生态环境监督管理局生态环境监测与科学研究中心	高级工程师	
17:25~	总结与交流				

8月30日下午 主题2：海岸与海洋环境DNA

会议地点：2F云龙厅

召 集 人：梁美仪、李宏俊、晏萌

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
13:30-13:50	我国海洋环境DNA监测进展和展望	李宏俊	国家海洋环境监测中心 海洋生态室	研究员	梁美仪 晏 萌
13:50-14:10	环境DNA在深远海脊椎动物多样性监测中的应用	李 敏	中国水产科学研究院南海水产研究所	研究员	
14:10-14:30	环境DNA揭示珠江口海域真核生物时空分布格局及其驱动机制	林剑青	汕头大学	副教授	
14:30-14:45	Functional Screening Databases for Aquatic Pathogens and Harmful Algal Blooms Using eDNA Metabarcoding	程金平	香港教育大学	教授	
14:45-15:00	环境DNA研究的规模化与标准化：华大智造测序平台在生态监测中的实践案例	王逸丛	深圳华大智造科技股份有限公司	总经理	
15:00-15:15	基于eDNA技术解析近岸海域微生物污染来源	明红霞	国家海洋环境监测中心	正高级工程师	
15:15-15:30	茶歇				
15:30-15:50	环境DNA技术在海洋渔业研究中的应用前景与技术挑战	晏 萌	香港城市大学	助理教授	李宏俊 林剑青
15:50-16:10	环境DNA技术用于监测香港水域丰富的生物多样性	叶志豪	香港岭南大学	助理教授	
16:10-16:30	环境DNA助益香港海洋保育规划及生态系统修复	赵荣杰	香港城市大学	博士后	
16:30-16:45	基于环境DNA技术的珠江北江及珠江口鱼类生态监测研究	王俊杰	华南师范大学	副教授	李宏俊 林剑青
16:45-17:00	涠洲岛珊瑚礁隐居生物研究	廖 馨	广西海洋科学院	副研究员	
17:00-17:15	海洋珍稀濒危物种环境DNA监测方法研究	贾 蕊	扬子江生态文明创新中心生态健康平台	工程师	
17:15-17:45	专题讨论				

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

8月30日下午 主题3：生物多样性监测与生态健康评估

会议地点：2F云图厅

召 集 人 ：李琴、高艳芬、戎征

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
13:30-13:50	生态质量监督监测及数智化转型先行示范	李　琴	云南省生态环境监测中心	正高级工程师	李　琴
13:50-14:10	2022-2024年河南省鱼类多样性分布研究	戎　征	河南省生态环境监测和安全中心	高级工程师	
14:10-14:25	整合“eDNA-土壤种子库-地上植被”的植物多样性研究	陈忠礼	重庆大学	副教授	
14:25-14:40	环境DNA解析东江浮游生物时空分异规律及群落构建机制	曾露苹	生态环境部华南环境科学研究所	工程师	
14:40-14:55	环境DNA技术在流域水电开发水生生态监测中的应用	章国勇	水电水利规划设计总院	正高级工程师	
14:55-15:10	环境DNA连续监测装备的开发及应用	陈　稀	扬子江生态文明创新中心生态健康平台	工程师	
15:10-15:25	茶歇				
15:25-15:45	环境DNA靶向监测技术在珍稀濒危物种监测中的应用	高艳芬	陕西省环境监测中心站	主任	高艳芬
15:45-16:00	湖泊稳态转换机制研究:基于不同内稳态沉水植物种间关系及食物网的证据	潘　瑛	云南大学	副教授	
16:00-16:15	大型河流环境DNA调查中的空间量化分析：以长江中游为例	杨海乐	上海市水生野生动植物保护研究中心	工程师	
16:15-16:30	滇西北高山湖泊微生物群落差异的沉积物DNA记录	刘　琪	云南大学	助理研究员	
16:30-16:45	基于环境DNA的景观尺度生物多样性监测与研究	罗明洁	云南大学	博士后	
16:45-17:00	环境DNA技术检测鸟类的方法与挑战	金　桃	壹健生物科技（苏州）有限公司	高级工程师	
17:00-17:15	渭河流域水生态健康评估与诊断	贾世琪	中国地质大学（北京）	博士	
17:15-17:35	专题讨论				

8月31日上午 主题4：渔业资源调查与评估

会议地点：2F云轩厅

召 集 人：段辛斌、陈家长

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
08:30-08:50	南水北调中线受水区密云水库水生态变化研究进展	曲疆奇	北京市农林科学院水产科学研究所	副研究员	徐杉
08:50-09:10	外来鱼类在华南地区的入侵现状与风险评估	顾党恩	中国水产科学研究院珠江水产研究所	研究员	
09:10-09:25	滇池鱼类资源保护利用与开发	潘晓赋	中国科学院昆明动物研究所	正高级工程师	
09:25-09:40	基于指示种的长江典型支流健康状况评价与退化诊断	刘东升	水利部交通运输部国家能源局南京水利科学研究院	高级工程师	
09:40-09:55	汉江鱼类资源演变及禁渔生态效应	熊　飞	江汉大学生命科学学院	教授	
09:55-10:10	环境DNA标准化监测模式与装备	孙晶莹	扬子江生态文明创新中心生态健康平台	工程师	
10:10-10:25	茶歇				
10:25-10:40	滇池流域鱼类资源分布特征与环境因子相关性研究	徐　杉	昆明学院	正高级工程师	曲疆奇
10:40-10:55	基于环境DNA的万泉河流域鱼类多样性的时空分布特征及影响因素	黎　平	海南大学	副教授	
10:55-11:10	大黄鱼资源监测eDNA技术的构建及应用	张　帅	中国水产科学研究院南海水产研究所	助理研究员	

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
11:10-11:25	基于eDNA的鱼类群落调查技术优化	邓文超	中国科学院城市环境研究所	助理研究员	曲疆奇
11:25-11:40	基于湖北省14个中小型湖泊的鱼类eDNA监测研究	吴冬晴	湖北省生态环境监测中心站	工程师	
11:40-11:55	基于环境DNA的城市湖库鱼类多样性及群落特征研究	刘　瑛	深圳市环境科学研究院	高级工程师	
11:55-12:10	环境节律与非周期性营养输入经由藻-菌耦合作用调节淡水生态系统的年内功能	李奥璞	南京大学	博士	
12:10-12:40	专题讨论				

8月31日上午　主题5：长江流域重要指示物种与生态健康评估

会议地点：2F云龙厅

召 集 人 ：张效伟、陈锋、陈家长、范子武、范俊韬

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
08:30-08:50	长江流域重要指示种数据库及生态系统健康评估体系构建	张效伟	云南大学	教授	陈　锋
08:50-09:05	三峡水库水生态系统指示种监测、健康诊断与修复示范的几点思考	范俊韬	中国环境科学研究院	正高级工程师	
09:05-09:20	长江上游重要支流鱼类功能指示种筛选及生态功能响应机制研究	宋　超	中国水产科学研究院淡水渔业研究中心	研究员	
09:20-09:35	长江流域典型湖泊水库指示种筛查及其生态响应机制研究	吴　几	水利部交通运输部国家能源局南京水利科学研究院	高级工程师	
09:35-09:50	长江支流浮游植物指示种及其功能群对多源环境梯度的响应	何　瑞	暨南大学	高级工程师	

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
09:50-10:05	环境与生物互作机制驱动的水华预测	刘向林	南京大学	博士	陈　锋
10:05-10:20	茶歇				
10:20-10:35	梯级水电开发影响下流域水环境变化趋势	罗　乐	中国电建集团昆明勘测设计研究院有限公司	正高级工程师	范俊韬
10:35-10:50	长江干流河口指示种生态响应机制及评估应用研究	黄　耿	水利部中国科学院水工程生态研究所	工程师	
10:50-11:05	河湖智慧监管技术及应用	洪　磊	水利部交通运输部国家能源局南京水利科学研究院	高级工程师	
11:05-11:20	长江流域鱼类指示种筛选、分布及其生态意义	罗　斌	南京大学	博士	
11:20-11:35	环境DNA元条形码揭示冰川消融离子脉冲现象对长江源河流生态系统多营养群落的影响	杨　凡	南京大学	博士	
11:35-11:50	基于RPA-CRISPR/Cas12a的长江重要指示种超灵敏检测——以长江江豚为例	谢沂航	南京大学	其他	
11:50-12:10	专题讨论				

8月31日上午 主题6：入侵与有害生物监测

会议地点：2F云图厅

主 持 人：杨军、王国善、谢林伸、谢玉为

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
08:30-08:50	环境DNA技术应用于黄海浒苔绿潮业务化监测的探索研究	王国善	自然资源部海洋减灾中心	正高级工程师	杨 军 陈纯兴
08:50-09:10	高灵敏、快速病原微生物检测技术的工程化开发	尹焕才	中国科学院苏州生物医学工程技术研究所	研究员	
09:10-09:30	外来水生生物监测预警与入侵机制研究	顾党恩	中国水产科学研究院珠江水产研究所	研究员	
09:30-09:45	深圳湖库拟柱孢藻入侵现状及水华暴发驱动因素探讨	陈纯兴	深圳市环境科学研究院	高级工程师	
09:45-10:00	深圳湖库入侵鱼类及有害蓝藻水华的eDNA-形态学协同监测实践	陶 益	清华大学深圳国际研究生院	副教授	
10:00-10:15	大水面生态监测、保护与利用策略	周 磊	华南农业大学	副教授	
10:15-10:30	茶歇				
10:30-10:50	环境DNA中的有害凯伦藻检测研究	王建艳	国家自然博物馆	研究员	王国善 谢玉为
10:50-11:10	新冠污水监测方法开发与加拿大污水监测网络建设经验	谢玉为	生态环境部南京环境科学研究所	副研究员	
11:10-11:30	多胁迫因素下物种多样性对生态系统多维稳定性的影响	苏豪杰	云南大学	副研究员	
11:30-11:45	陆源废水排放重塑了近岸海域浮游植物群落结构	苏 洁	国家海洋环境监测中心	正高级工程师	王国善 谢玉为
11:45-12:00	重金属污染对外来植物空心莲子草入侵能力的影响	林恬恬	云南大学	副教授	
12:00-12:15	超大城市典型公共场所大气颗粒物抗生素抗性基因分布特征及环境健康风险研究	赵恺凝	上海市环境科学研究院	工程师	
12:15-12:30	专题讨论				

8月31日下午 大会特邀报告及闭幕式

会议地点：2F云轩厅

时间	报告题目	报告人	工作单位	职称	主持人
13:30-14:00	十年禁渔背景下长江水生生物资源监测与生态效果评估	段辛斌	中国水产科学研究院长江水产研究所	研究员	张 远
14:00-14:30	弥合差距：推进生态风险评估从实验室预测走向真实生态系统	金小伟	中国环境监测总站	研究员	
14:30-15:00	多重胁迫下长江鱼类的退化与保护	王海军	云南大学	研究员	
15:00-15:30	中国底栖动物条形码数据库构建及应用	王备新	南京农业大学	教授	
15:30-16:00	全球变化背景下拉氏尖头藻入侵及其生态效应	杨 军	中国科学院城市环境研究所	研究员	王海军
16:00-16:30	滇池水生态完整性退化与修复机制研究	张 远	广东工业大学	教授	
16:30-17:00	闭幕式、颁奖				张效伟 徐 杉

8月29日晚上 研究生专场

会议地点：2F云轩厅

主 持 人：范俊韬、张颜

时间	报告题目	报告人	单位
18:30-18:38	南海珊瑚礁鱼类多样性的双方法研究：环境DNA宏条形码与水下摄影	李明杰	厦门大学
18:38-18:46	整合水生eDNA与遥感优化水陆耦合生态安全格局——以东江流域为例	莫小璇	华南师范大学
18:46-18:54	基于eDNA迁移的贝叶斯模型预测闸坝型河流的鱼类多样性空间分布	吴颜岐	广东工业大学
18:54-19:02	基于空气环境DNA被动采样技术的新型生物多样性监测方法	林芮昀	北京大学生命科学学院
19:02-19:10	相对于锂离子，磷酸铁锂微/纳米颗粒在新生大型溞体内的生物蓄积和毒性增强	赵宇飞	北京航空航天大学
19:10-19:18	湖泊环境中合成化学品对水生态完整性的影响初探	高云泽	同济大学
19:18-19:26	小水电对底栖生物膜微生物群落结构和功能的影响	高惠敏	宁波大学
19:26-19:34	不同生态阶段滇池流域生态系统完整性的变化情况	闫子玥	广东工业大学
19:34-19:42	沉积物DNA揭示了人为富营养化驱动下滇池鱼类群落的百年演变	郝辉擘	广东工业大学
19:42-19:52	茶歇		
19:52-20:00	基于eDNA的广东沿海板鳃亚纲多样性格局及其时空分布驱动机制研究	唐艺轩	广东工业大学
20:00-20:08	甲藻生活史转换与藻际细菌、真菌多样性及其功能的动态互作	岳彩霞	南京海关动植物与食品检测中心
20:08-20:16	海南三亚湾全氟/多氟化合物的污染特征及生态风险	张鸿锦	海南大学
20:16-20:24	基于机器学习的热带河流BMWP指数预测与风险预警	符国平	海南大学
20:24-20:32	关于F-53B的生物积累、毒性效应及作用机制的研究	李　迪	北京航空航天大学
20:32-20:40	基于环境DNA宏条形码技术的雅鲁藏布江鱼类多样性研究	周　琳	西南大学
20:40-20:48	Microcystis响应低浓度抗生素刺激的不确定性研究	冯甘雨	同济大学
20:48-20:56	空气eDNA与碳通量塔的协同观测网络：理论、实践与未来展望	李　铭	南京大学
20:56-21:04	沉积物DNA揭示滇池近百年蓝藻演替与生态变迁	孟　涵	云南师范大学
21:04-21:12	eDNA支持社区型海洋保护地的规划与监测	刘春宇	厦门大学

伍

特邀嘉宾介绍

特邀嘉宾介绍



吴丰昌 研究员

中国环境科学研究院环境基准标准与风险管控全国重点实验室

吴丰昌，中国工程院院士、欧洲科学院外籍院士，环境基准标准与污染防治领域专家，现任中国环境科学研究院环境基准标准与风险管控全国重点实验室主任，兼任国家水体污染控制与治理科技重大专项技术总师、中国环境科学学会副理事长等职。长期从事流域污染风险防控、水质基准理论与方法及湖泊污染治理研究，在环境标准制修订、生态安全调查和重点流域综合整治中作出重要贡献。曾获国家技术发明一等奖、国家科技进步二等奖、何梁何利奖等多项荣誉，主持国家973计划及重大科研项目10余项，发表SCI论文500余篇，2019–2023年连续入选爱思唯尔中国高被引学者。



Douglas Yu 研究员

中国科学院昆明动物研究所

报告题目：Scalable Biodiversity Measurement （可扩展的生物多样性测量）

Douglas Yu，中国科学院昆明动物研究所研究员，英国东英格利亚大学教授。研究方向为生物多样性快速评估、互利共生演化和保护生物学等。主持NSFC面上项目，中国科学院国际合作、先导A类项目泛第三极环境变化与绿色丝绸之路建设子课题、前沿局重点项目等。在《Science》、《Nature Communications》、《Ecology Letters》等杂志发表学术论文100余篇。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会



梁美仪 教授

香港城市大学

报告题目：Enhancing Marine Resource Monitoring with eDNA Technology

环境毒理学与化学讲座教授以及海洋环境健康全国重点实验室主任。研究领域涵盖海洋污染、生态毒理学、海洋生态学、生物多样性保护和生态工程修复。发表了超过340篇同行评审文章和12卷特刊，论文被引用超过15,667次，h指数达69。2017年，获日本生态学会第十九届生态学琵琶湖奖，表彰其对亚太地区水生态和环境毒理学的贡献，并获环境毒理学和化学学会（SETAC）授予会士称号。



张效伟 教授

云南大学

报告题目：从科技突破到成熟应用--环境DNA技术展望

国家重点研发计划项目首席科学家，长期从事环境DNA数智化技术与水生态健康研究，开发了基于环境 DNA 精准生物监测与生态健康评估新技术，在Nature Sustain、ES&T等生态环境领域权威刊物上发表SCI论文200余篇。

授权国家发明专利10余项，出版学术专著3部。入选教育部长江学者特聘教授、万人计划-科技创新领军人才等，担任ES&T副主编、世界银行及世界粮农组织咨询专家等兼职。



段昌群 教授

云南大学

报告题目：云南高原湖泊保护与治理：进展、困局与突围

段昌群，云南大学特聘教授，博导，国家级教学名师、国家万人计划领军人才、云岭学者、云岭名师。主要从事污染与恢复生态学研究，主持国家重大科技水专项课题、国家自然科学基金联合重点项目等课题30多项，发表论文400余篇，出版专著20余部，获得国内外专利及软著40余件。获得云南省自然科学一等奖（2014年）、科技进步一等奖（2022年）等省部级科技奖10余项。



刘文华 副校长/教授

汕头大学

报告题目：基于非损伤性的海洋哺乳动物种群健康评估：挑战与机遇

刘文华，博士，汕头大学副校长、教授、博士生导师。主要从事海洋珍稀物种保护生物学、海洋渔业资源与生态系统管理、海洋生态修复技术与理论等相关研究。主持包括国家自然科学基金重点基金、南方海洋科学与工程广东省实验室（广州）重大专项团队项目等在内的资助项目60余项；发表论文200余篇，中英文专著4部，政府采纳报告10余份。2013年获“PEW Fellowship”海洋保育全球候选人提名，并作为主要参与人获国家海洋科学技术奖二等奖、中国水产科学研究院科技进步一等奖和广东省动物科学技术奖特等奖等。目前担任农业农村部濒危水生野生动植物种科学委员会副主任委员、中国生态学会海洋生态专业委员会副主任委员等学术兼职。



夏　瑞　研究员

中国环境科学研究所

报告题目：汉江藻类完整性模拟与跨介质环境系统架构

夏瑞，研究员，中国环境科学研究院黄河中心运管部负责人，兼任水环境研究所副所长，担任中国自然资源学会水资源专业委员会副秘书长等。长期从事河流生态动力过程模拟与调控研究，主持重点研发计划项目、国家自然基金面上项目等9项。近5年，以第一或通讯作者在WaterResearch等顶刊发表学术论文40篇（TOP/一区19篇），授权发明专利和软著33项，主编国家标准1项、主笔3项政策建议被中办采纳。荣获省部级科技奖励9项，入选2022“全球前2%顶尖科学家榜单”。



金小伟　研究员

中国环境监测总站

报告题目：弥合差距：推进生态风险评估从实验室预测走向真实生态系统

金小伟，博士，正高级工程师， 博士生导师，主要从事流域水生态系统完整性评估与诊断研究，主持国家优秀青年基金项目、国家重点研发计划课题等20余项。相关成果在Science, Communications Earth & Environment，Environ. Sci. Technol.等期刊发表论文150余篇，制定发布了水生态监测-评价-诊断系列标准指南20余项，提交政策建议10余项。兼任中国环境科学学会新污染物治理专业委员会副主任委员、青年科学家分会副主任委员，中国青年科技工作者协会委员，Biocontaminant、《生态毒理学报》副主编，Environ Sci Eur等期刊编委；获省部级科技进步3项（一等奖2项，二等奖1项），国家生态环境保护专业技术青年拔尖人才，北京市高层次创新创业人才支持计划青年拔尖人，中国环境科学学会青年科学家金奖，中国化学会青年环境化学奖，国际水协–首创水星奖，Elsevier中国金色开放获取高下载论文学者。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会



王海军　研究员

云南大学

报告题目：多重胁迫下长江鱼类的退化与保护

王海军，研究员，博士生导师。目前担任云南大学生态与环境学院副院长、高原湖泊生态与治理研究院副院长、联合国教科文组织（UNESCO）生态技术教席带头人。主要从事水域生态学方面的研究。先后承担完成了国家自然科学基金，国家水污染治理专项、国家基础性专项、国家重点研发计划等10余项；在国内外核心刊物上发表学术论文110余篇，包括The Innovation, Water Research, Environmental Science & Technology, Journal of Hazardous Materials 和 Freshwater Biology 等顶级或者权威期刊论文。获得生态环境部科学技术一等奖1项（2022年）。



王备新　教授

南京农业大学

报告题目：中国底栖动物条形码数据库构建及应用

教授/博导，南京农业大学昆虫系主任，亚洲水生生物学会副主席、中国海洋湖沼学会底栖动物分会理事。长期从事生物多样性监测与评估、水生生物完整性和河流健康评价研究，率先在国内开展底栖动物耐污值和底栖动物完整性指数研究，主持和参加国家重大专项、国家自然科学基金、省社会重大项目和地方委托项目等70余项，国内外发表学术论文110余篇。组织国内同行专家构建了我国首个淡水底栖动物条形码和eDNA在线分析数据库。



杨　军 研究员

中国科学院城市环境研究所

报告题目：全球变化背景下拉氏尖头藻入侵及其生态效应

杨军，研究员，博士生导师，中国科学院城市环境研究所。

从事内陆水体生态学研究，创建水生态健康研究组，聚焦水生态安全和微食物网，研究饮用水水源地、景观水体等流域水环境与水生态问题，为水环境保护和生态管理提供对策与依据。

在ISMEJ、Microbiome、WaterRes、EST、Environ Int、Mol Ecol、Global Ecol Biogeogr、等环境与生态领域发表SCI论文120多篇，对浮游生物的研究结果入选ISMEJ高引用论文。授权发明专利2项、登记软件著作权2项。



张　远 教授

广东工业大学

报告题目：滇池水生态完整性退化与修复机制研究

张远，广东工业大学生态环境与资源学院“百人计划”特聘教授、博士生导师，国家“万人计划”科技创新领军人才、科技部“中青年科技创新领军人才”、国家科技重大专项项目首席、国家“水体污染控制与治理”科技重大专项标志性成果专家。主持从事环境DNA生态监测、水体生态修复等相关理论与技术研究。主持国家重大科技专项等项目15项，主持完成了河流、湖泊和城市水体等水环境综合整治项目30项。发表学术论文300余篇，出版专著6部，申请中国发明专利90余项，获国家和省部级科技奖励9项，入选美国斯坦福大学终身科学影响力排行榜和年度科学影响力排行榜。

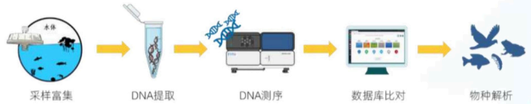
陆

赞助商海报



易基诺科技：标准化环境DNA方案创制者

易基诺科技是国内首家专业开展环境DNA(eDNA)生物多样性监测和生态保护的单位，致力于eDNA新技术的研发与推广应用。易基诺科技提供标准化环境DNA测试咨询服务，主要包括**环境DNA宏条形码监测**和**靶向物种监测**，测试类群包括鱼类、鸟类、水生植物、浮游生物等生物类群。可用于**珍稀濒危物种监测**、**入侵物种追踪**及**水生态健康评估**等。





易基诺科技：环境DNA标准制定者

- 联合中国环境监测总站等相关单位**发布5项环境DNA技术标准**，促进环境DNA技术在我国生物监测和评价体系的标准化与应用推广。
- 国内首个水生生物环境DNA实验室建设技术要求实现了实验流程规范化、实验过程标准化、实验结果可考核。
- 标准化环境DNA实验室主要包含试剂制备和储存室、前处理室、DNA提取纯化室、核酸检测室、质量控制室和数据分析室。



环境DNA实验室四大模块


团 体 标 准
T/CSES 140—2024
水生生物环境 DNA 实验室建设技术要求
Technical requirements for the construction of aquatic organism environmental DNA laboratory
2024-07-31 发布
2024-07-31 实施
中国环境科学学会
中国标准出版社

环境DNA实验室标准文件

易基诺科技：环境DNA装备与试剂供应者

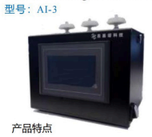
1 环境DNA采样设备
Sampling equipment products

水环境DNA过滤仪
Water eDNA Sampler
型号：WD-3B



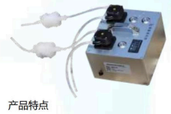
产品特点
- 内置锂电池20AH、连续工作≥ 12h
- 废液直排，5 min 内富集5 L水样
- 重量＜5 Kg，便于携带

三通道智能水环境DNA过滤仪
Water eDNA Intelligent Filter with Triple Channel
型号：AI-3



产品特点
- 3通道过滤，支持单通道过滤
- 高负压，负压可达-0.098MPa
- 仪器自带供电装置，野外连续工作可达10h

便携式eDNA富集仪(蠕动式)
Portable eDNA Enrichment Device (Creep type)
型号：RWD-2



产品特点
- 适配大容量富集器，可过滤100 L水样
- 同步实现两个通道的样品富集
- 大电量长续航（5600mAH）、低功耗（20W）

水底环境DNA富集仪
Bottom-water eDNA Sampler
型号：BAWD-1



产品特点
- 适用于水环境底层 eDNA 样品自动富集
- 富集水量1-500 L，定量误差±5%
- 过滤速度可调节，0 L/min-0.1 L/min

球形水环境DNA智能富集仪
Spherical Water eDNA Intelligent Enrichment Device
型号：SD-1



产品特点
- 蓝牙无线连接，APP实时显示设备状态
- 拥有定时、定量、定深等多种采集模式
- 重量仅为2 Kg，可搭配无人船、无人机使用

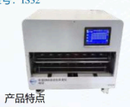
环境DNA在线自动采集仪
eDNA Auto Sampler
型号：AWD-14



产品特点
- 14通道自动连续监测
- 远程实时监控
- 可用于鱼类、浮游植物、浮游动物等类群连续监测

2 环境DNA检测设备
Laboratory equipment products

环境DNA自动化吹液仪
eDNA Automatic Liquid Blowing Instrumet
型号：IS32



产品特点
- 32个样本 eDNA快速吹液处理
- 自带屏幕，内置程序
- 40s可完成1个样品的处理

多通道eDNA高速均质系统
Multi-channel eDNA high-speed homogenization system
型号：E01HBB012



产品特点
- 适配 30 mL eDNA富集器
- 适配 2 mL，5mL，15 mL多规格离心管
- 3种均质模式，针对不同环境样本

环境DNA自动提取仪
eDNA Automatic Extractor
型号:E02EP32/E02EP96



产品特点
- 单次32/96通道核酸提取纯化
- 磁珠式DNA纯化
- 磁珠回收效率 ≥98%

3 环境DNA试剂耗材
Reagent consumable products

一体化eDNA富集试剂盒
Integrated eDNA Enrichment Kit
型号：WF0201012



产品特点
- 大容量富集(富集体积＞5L)
- 便于携带，常温储存(至少14 天)
- 独立腔体，防止交叉污染

环境DNA快速提取试剂盒（磁珠法）
eDNA Quick Extraction Kit (Magnetic Bead)
型号：MT059



产品特点
- 有效破碎环境样本中的各种复杂成分
- 回收的DNA杂质少，完整性好
- 可直接用于PCR、酶切等其他下游实验

生物多样性监测试剂盒（鱼类）
Biodiversity Monitoring Kit (for Fish)
型号：BF03048



产品特点
- 采用专利PCR扩增引物
- 有效扩增中国本土鱼类DNA
- 结合定量监测试剂盒可实现鱼类的半定量监测

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

环境DNA宏条形码测序组合产品

华大智造

华大智造环境DNA宏条形码测序组合产品基于自主研发的试剂、仪器以及软件，实现从样本处理到分析报告全流程覆盖，能够对环境样本中的生物群落结构进行快速、准确地分析，为生态环境监测与环境科学研究提供工具支撑。

集成样本采集、核酸提取、文库制备、高通量测序和数据分析全流程产品，一站式产品方案。独有的DNBSEQ测序技术，提供高质量的测序数据。搭配MGISP-NE32自动化核酸提取仪、MGISP-960以及MGISP-100自动化样本制备系统及分析软件，可实现自动化样本制备及数据分析，最大程度减少了人工介入。

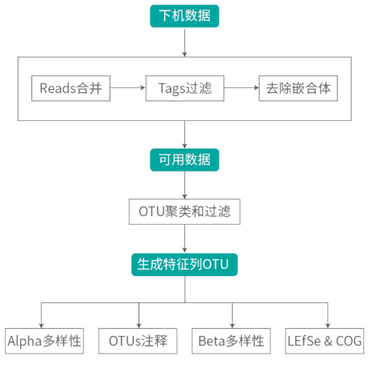
样本采集	核酸提取	文库制备	高通量测序	生信分析
~6 mins	~2 hours	~6 hours	~12-30 hours	0.5 hours

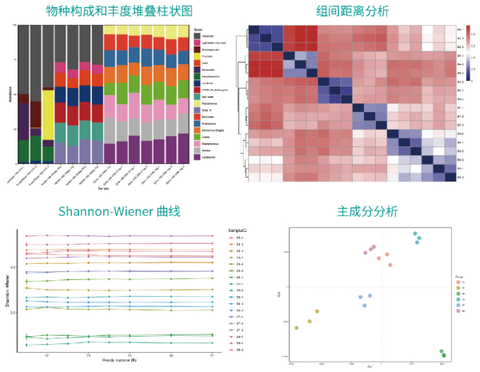


提供多种引物Panel，监测物种涵盖细菌、真菌、藻类、植物、浮游动物、底栖动物和鱼类，充分满足各种应用需求。最多可提供4608种条形码用于文库准备，满足超高通量测序需求：

Panel	适用物种类型	推荐测序读长	单样本推荐数据量	测序平台	推荐样本数量/FC
MiFish	鱼类	PE150	⩾65K reads	DNBSEQ-G99/E25	500/72
165 V4	细菌				
Ac12S	鱼类	PE300		DNBSEQ-G99	300
165 V3V4	细菌				
COI	底栖动物、浮游动物				
185 V4	藻类、无脊椎动物				
ITS1	真菌				
ITS2	真菌				

自主研发的分析软件 MetaSIS，提供丰富的分析功能，如 OTU 分析、物种组成分析、Alpha 多样性分析、Beta 多样性分析，生物标记物分析等。数据库包含红色名录共 5 万多个物种条目。





华大智造 MGI
股票简称：华大智造
股票代码：688114
深圳华大智造科技股份有限公司

MGI-service@mgi-tech.com
www.mgi-tech.com
+86-4000-688-114

官方微信 官方中文网站

eDNA智慧监测自动化实验室方案

华大智造 MGI



支持微生物、真菌、藻类、植物、浮游动物、底栖动物和鱼类监测，

96-288 个样本/天 | 3000-8000 个样本/月 | 全流程 24-45 小时

- 玄龟（水体膜富集）
- PEG 沉淀法（病毒）
- 低速离心法（细菌）
- 膜过滤法（鱼、底栖）
- 样本前处理设备（32样本/run，2 hr）

可增加单批次处理样本通量

- MGIEasy 核酸提取试剂（RNA病毒）
- meta DNA提取试剂盒
- 组织研磨珠
- MGIGlab 50K Pro（96 样本/run，8 hr）
- MiFish/Ac12S/16SV3V4/16SV4/18SV4/ITS1/ITS2/CO1建库试剂盒套装
- ATOPlex DNA双标签建库试剂盒套装

- DNBSEQ-T1+ARS（PE150、PE300，1152样本/run）
- DNBSEQ-T1+RS 高通量测序试剂套装（PE150，24hr）
- DNBSEQ-T1+RS 高通量测序试剂套装（PE300，35hr）
- DNBSEQ-G99ARS(PE150、PE300500样本/run)
- DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装(PE150.12hr)
- DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装(PE300.30hr)

- OmicsNest
- MegaBOLT/ZBOLT 系列生信分析加速器
- αCube 数据中心一体机
- MetaSIS

深圳华大智造科技股份有限公司
深圳市盐田区北山工业区综合楼及11栋8楼
4000-688-114
www.mgi-tech.com
MGI-service@mgi-tech.com

壹健生物 ONE HEALTH

环境分子检测的整体解决方案供应商

壹健生物

壹健生物科技(苏州)有限公司为广东美格基因科技有限公司(美格基因)的控股子公司。公司拥有2,200平方米的实验室，致力于各种环境的生物指标检测研发。公司以国内领先的环境DNA技术服务为核心产品，以打造国内首创环境DNA一站式服务平台为目标，开发eDNA采样设备、核酸提取试剂盒、eDNA建库试剂盒、重点物种检测试剂盒等一系列产品，并提供环境DNA实验室建设服务及云平台、数据库等软件支撑服务，提供专业的技术指导和人才培养服务。

公司产品

检测服务
- eDNA生物多样性检测
- 单物种检测（濒危物种/入侵物种）
- 线粒体基因组
- 高通量qPCR芯片
- 蓝藻/真核藻芯片

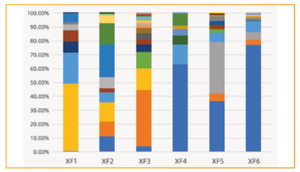
数据库
- 云平台在线分析
- 本地服务器部署

整体解决方案
- 生物多样性调查
- 实验室平台搭建

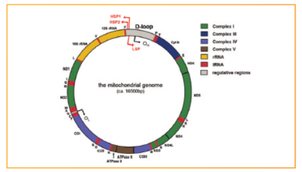
仪器设备系列
- 采样设备系列
- qPCR仪系列
- 自动化核酸提取仪
- 高通量测序仪

耗材
- 采样套装/滤膜
- 单靶标/多靶标qPCR检测试剂盒
- DNA提取/纯化试剂盒
- eDNA建库试剂盒系列

结果展示



物种多样性



线粒体基因组



重点保护野生动植物

壹健生物科技（苏州）有限公司
昆山南京大学新能源新材料产业园8栋2层、3层
130-6375-9085（技术支持）
yisupport@magigene.com

广东美格基因科技有限公司
深圳国际创新谷三期7栋B座13层
广州国际生物岛官洲生命科学中心A栋28层
广州佳德科技园B栋3层

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

论文摘要集

2025 CHINA YUNNAN 8.28-8.31 昆明

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

目　录

1、小水电对底栖生物膜微生物群落结构和功能的影响 01

2、Utilizing Environmental DNA Metabarcoding for Marine Fish Monitoring and Species Interaction Studies in Coastal Ecosystems..... 03

3、Functional Screening Databases for Aquatic Pathogens and Harmful Algal Blooms Using eDNA Metabarcoding..... 05

4、陆源废水排放重塑了近岸海域浮游植物群落结构 06

5、湖泊环境中合成化学品对水生态完整性的影响初探 07

6、基于湖北省14个中小型湖泊的鱼类eDNA监测研究 08

7、海南三亚湾全氟/多氟化合物的污染特征及生态风险 09

8、基于eDNA技术解析近岸海域微生物污染来源 11

9、基于环境DNA的万泉河流域鱼类多样性的时空分布特征及影响因素 12

10、整合水生eDNA与遥感优化水陆耦合生态安全格局
——以东江流域为例 14

11、基于机器学习的热带河流BMWP指数预测与风险预警 16

12、相对于锂离子，磷酸铁锂微/纳米颗粒在新生大型溞体内的生物蓄积和毒性增强..... 18

13、甲藻生活史转换与藻际细菌、真菌多样性及其功能的动态互作 19

14、基于病毒宏基因组的饮用水水源地病毒群落及功能基因季节性动态分析..... 20

15、环境DNA元条形码揭示冰川消融离子脉冲现象对长江源河流生态系统多营养群落的影响 22

16、eDNA-based insights into the diversity, spatiotemporal patterns, and ecological drivers of elasmobranchs in coastal Guangdong 23

17、基于eDNA的鱼类群落调查技术优化..... 25

18、基于空气环境DNA被动采样技术的新型生物多样性监测方法 26

19、沉积物DNA揭示了人为富营养化驱动下滇池鱼类群落的百年演变..... 27

20、不同生态阶段滇池流域生态系统完整性的变化情况 29

21、河南省长江流域大型底栖动物调查监测与评估..... 31

22、基于eDNA迁移的贝叶斯模型预测闸坝型河流的鱼类多样性空间分布..... 32

23、沉积物DNA揭示滇池近百年蓝藻演替与生态变迁 33

24、基于环境DNA宏条形码技术的雅鲁藏布江鱼类多样性研究 34

25、超大城市典型公共场所大气颗粒物抗生素抗性基因分布特征及环境健康风险研究 36

26、环境DNA解析东江浮游生物时空分异规律及群落构建机制 39

27、基于RPA-CRISPR/Cas12a一步法的长江江豚环境DNA超灵敏检测 40

28、关于F-53B的生物积累、毒性效应及作用机制的研究..... 42

29、深圳湖库入侵鱼类及有害蓝藻水华的eDNA-形态学协同监测实践..... 43

会议手册 Conference Handbook

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

1 小水电对底栖生物膜微生物群落结构和功能的影响

Impact of Small Hydropower Plants on Microbial Community Structure and Functions in Benthic Biofilms

高惠敏[1]，祁欣欣[2]，林宗伟[3]，李玛璨[4]，刘国豪[5]，吕媛媛[6]，Sangar Khan[7]，吴乃成

1. 宁波大学地理与空间信息技术系，宁波315211
2. 吴乃成，naichengwu88@gmail.com

摘要：小水电改变了河流的连通性和生物多样性，其造成的生态影响逐渐得到重视。先前的生态影响研究在生物方面多集中在鱼类、大型无脊椎动物和藻类等水生生物，对主导微生物生活形式的底栖生物膜的研究非常有限。因此我们调查了瓯江流域15个小水电，在水坝上游S1，库区段S2，具有生态流量的脱水段S3和恢复自然流量的下游段S4建立采样点。通过比较不同河段的底栖生物膜微生物群落组成、网络结构和功能预测结果，评估了具有生态流量下底栖生物膜微生物群落对于小水电造成生境变化的响应。研究结果表明：S2的底栖生物膜微生物群落结构与其他采样点差异明显，对生物膜起到稳定作用的拟杆菌占比高。共现网络分析表明，S2和S4的网络复杂度低于S1和S3，而S4的关键物种丰富，对于网络稳定起到积极作用。S2在功能预测结果中对于有机物的降解能力要弱于其他采样点，并且参与氮循环的功能丰度较低，表明S2中底栖生物膜微生物群落参与养分循环的功能差异较为明显，而S3在生态流量保护下与自然流态的S1和S4样点功能差异相似。总体而言，我们的研究证实了小水电对S2底栖生物膜微生物群落具有显著影响，这些发现强调了确保足够生态流量释放和加强下游人类活动管理的重要性。

关键词：小水电，底栖生物膜微生物群落，共现网络，功能预测。

Abstract: The development of small hydropower plants (SHPs) has significantly altered river connectivity and biodiversity, with its ecological impacts increasingly gaining attention. Previous ecological impact studies have biologically focused on aquatic organisms such as fish, macroinvertebrates and algae, while research on benthic biofilms, a dominant microbial life form, remains limited. Thus, we established sampling sites at 15 SHPs in the Oujiang River Basin, located upstream of the dam (S1), within the reservoir area (S2), in the dewatered section with ecological flow (S3), and downstream where natural flow is restored (S4). By comparing the microbial community composition, beta diversity, co-occurrence network structure, and functional predictions of benthic biofilms across different river sections, we assessed the response of benthic biofilm microbial communities to habitat changes induced by SHPs under ecological flows. The results revealed that the microbial community structure and beta diversity of benthic biofilms in S2 differed significantly from other sampling sites, with a higher proportion of Bacteroidetes. Co-occurrence network analysis indicated that the network complexity of S2 and S4 was lower than those of S1 and S3. Functional predictions showed that S2 had weaker organic matter degradation capabilities and lower functional abundance in nitrogen cycling. In contrast, S3 with ecological flows exhibited functional similarities to S1 and S4, which experienced natural flow conditions. Overall, this study demonstrates the significant impact of SHPs on benthic biofilm microbial communities in S2 and underscores the importance of ensuring sufficient ecological flow release and enhancing the management of downstream human activities.

Keywords: Small hydropower plants; Benthic biofilm microbial communities; Co-occurrence network; Functional prediction.

作者简介：高惠敏，2000.9，女，广西陆川，研究生，学生，宁波大学，研究方向，宁波市江北区风华路818号宁波大学，g15818853143@163.com。

2 Utilizing Environmental DNA Metabarcoding for Marine Fish Monitoring and Species Interaction Studies in Coastal Ecosystems

CHENG Jinping[1], YE Peiyuan[1], LIU Jingyu[1], Linus Lo[1], LEE SS[1], LIU Hongbin[2]

1.Department of Science and Environmental Studies, the Education University of Hong Kong, HKSAR, China
2.Department Of Ocean Sciences, the Hong Kong University of Science and Technology, HKSAR, China

Abstract: Environmental DNA (eDNA) metabarcoding technology, characterized by its non-invasive and highly sensitive nature, is increasingly recognized as a vital tool for monitoring marine fish diversity and assessing fishery resources. When integrated with traditional monitoring methods, eDNA metabarcoding is expected to significantly enhance the effectiveness of marine fish monitoring and conservation efforts. In this study, we employed multi-marker eDNA metabarcoding to conduct a comprehensive analysis of bacterial, protist, and multicellular animal communities in high-biodiversity areas along the coast of Hong Kong. Weighted correlation network analysis revealed potential interaction networks among species across different regions, identifying key species within these networks. Our findings indicate that primary producers, such as dinoflagellates and ciliates, dominate the networks, and notable differences exist in the distribution of key bacterial taxa across regions. The southern region exhibited a larger network size but lower stability, reflecting a strong response of key species to environmental changes.This research highlights the significant value of eDNA metabarcoding technology in elucidating the structure and stability of marine ecosystems and supporting biodiversity conservation efforts.

Keywords: eDNA, fish monitoring, species interaction, biodiversity

Corresponding author: Dr Jinping CHENG, Assistant Professor, Department of Science and Environmental Studies, Education University of Hong Kong; email: jincheng@eduhk.hk.

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

2 环境DNA宏条形码技术在海洋鱼类监测及沿海生态系统物种相互作用研究

程金平[1,2]*,叶沛沅[1]，刘靖宇[1,2]，Lo Linus[1,2], Lee SS[3]，刘红斌[3]

1.香港教育大学科学与环境学系，中国香港
2.香港城市大学海洋环境健康全国重点实验室，中国香港
香港科技大学海洋科学系，中国香港

摘要：环境DNA（eDNA）高通量测序宏条形码技术作为一种非侵入性且高灵敏度的方法，正逐渐成为海洋鱼类多样性监测和渔业资源评估的重要工具。结合传统监测方法，eDNA宏条形码技术有望显著提升海洋鱼类的监测和保护效果。利用多标记基因的eDNA 宏条形码技术对香港沿海高生物多样性区域的细菌、原生动物和多细胞动物群落进行了综合分析。通过加权相关网络分析揭示了不同区域物种间的潜在相互作用网络及关键物种。研究发现，原消费者如甲藻和纤毛虫在网络中占主导地位，且不同区域的关键细菌类群分布存在差异。南部区域的网络规模较大但稳定性较低，反映出关键物种对环境变化的强烈响应。该研究展示了eDNA 宏条形码技术在揭示海洋生态系统结构和稳定性及支持生物多样性保护中的重要价值。

关键词：环境DNA；鱼类监测；物种相互作用；生物多样性。

作者简介：程金平，博士，香港教育大学科学与环境学系助理教授及博士生导师，海洋环境健康全国重点实验室PI，研究专注环境健康与环境监测，jincheng@eduhk.hk

3 Functional Screening Databases for Aquatic Pathogens and Harmful Algal Blooms Using eDNA Metabarcoding

CHENG Jinping[1], Linus Lo[1]

1.Department of Science and Environmental Studies, the Education University of Hong Kong, HKSAR, China

Abstract: Aquatic pathogens and harmful algal blooms represent two major coastal microbial threats that significantly impact the health and safety of aquaculture and human populations. To address these challenges, we developed two functional screening databases designed to enhance monitoring through environmental DNA (eDNA) metabarcoding techniques. The first database focuses on aquatic bacterial pathogens, curated from over 3,000 peer-reviewed studies, encompassing more than 210 pathogenic species that affect aquaculture. This resource was applied to eDNA metabarcoding data collected from Hong Kong's coastal and mariculture waters over a one-year period. Our analysis revealed a notable increase in pathogen abundance linked to aquaculture activities and inorganic nitrogen loads, particularly highlighting the enrichment of Vibrio species during an atypical dry winter. The second database targets harmful algal species, integrating genomic data and updated taxonomic classifications to create a comprehensive resource of 469 harmful algal species known to adversely affect aquatic ecosystems and human health. Utilizing this database, we conducted an exploratory analysis of eDNA metabarcoding data from Hong Kong waters, enabling high-throughput characterization of harmful algal occurrences and their distribution patterns. We identified several previously unrecorded harmful algal species, with their presence significantly correlated to nitrogen loading during the wet season. These functional screening databases enhance eDNA-based approaches for effective surveillance of coastal pathogens and harmful algal blooms. The deployment of these high-throughput screening platforms will facilitate ongoing monitoring of harmful microbes in coastal waters, ultimately supporting improved management and mitigation strategies for aquaculture health and public safety.

Keywords: eDNA, Aquatic Pathogens, Harmful Algal Blooms, Aquaculture, Environmental Monitoring

Corresponding author: Dr Jinping CHENG, Assistant Professor, Department of Science and Environmental Studies, Education University of Hong Kong; email: jincheng@eduhk.hk.

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

4 陆源废水排放重塑了近岸海域浮游植物群落结构

land-sourced wastewater discharge reshape phytoplankton community structure in coastal waters

苏洁，吴雪心，樊景凤*

国家海洋环境监测中心，大连，116023

摘要：气候变化和人为压力会导致浮游植物群落多样性的变化，由于浮游植物对环境变化反应迅速，其多样性和群落结构的变化可及时反映近海环境的真实状态。因此，本研究利用eDNA技术评估了大连凌水河废水排放对近岸海域浮游植物多样性和群落结构的影响。共检测到浮游植物8门157属。凌水河入海排污口邻近海域浮游植物多样性无显著季节差异；但浮游植物群落丰富度表现为夏季显著高于冬季。浮游植物群落分布具有季节特异性，同时受营养盐污染影响，具有空间特异性，其中夏季3个聚类群对应于凌水河入海口重度、中度和轻度3个富营养化水平区域。DIP是影响浮游植物丰富度的主要因子，BOD和COD是影响浮游植物多样性的主要因子。共线网络分析结果显示，夏季和冬季浮游植物群落物种间的正相关关系占比均大于负相关关系，说明浮游植物群落物种间协同作用可能大于竞争作用。夏季共筛选出5个关键种，其中Skeletonema marinoi与OPI呈显著相关($p<0.05$)，说明Skeletonema marinoi为环境污染敏感生物。冬季未筛选出关键种。本研究表明总氮、总磷等营养盐对浮游植物和多样性具有显著影响，陆源排污导致的富营养化重塑了浮游植物群落结构。

关键词：eDNA，浮游植物，富营养化，群落结构。

作者简介：苏洁，1983年1月，女，山东滨州，博士，研究员，国家海洋环境监测中心，辽宁省大连市沙河口区凌河街42号，jsu@nmemc.org.cn

5 湖泊环境中合成化学品对水生态完整性的影响初探

Preliminary Study on the Impact of Synthetic Chemicals on Aquatic Ecological Integrity in Lake Environments

高云泽[1,2]，孟祥周[1]*

1. 同济大学，上海市 200092
2. 嘉兴市农业科学研究院，嘉兴市 314016
*通讯作者，xzmeng@tongji.edu.cn

摘要：自上世纪50年代以来，为满足人类生产生活的需要，合成化学品（SCs）被不断地生产和使用，如全氟及多氟烷基化合物（PFAS）等，其种类和数量持续增加。随着大量具有持久性、移动性、生物累积性和生物毒性（PMBT）的SCs排放进入环境，SCs可能正逐渐成为影响湖泊水生态完整性的关键因素之一。然而，目前生态毒理学研究多集中于部分SCs在实验室条件下对水生生物分子和个体水平的影响，缺乏对实际环境中高风险SCs识别及其对湖泊生物群落结构长期影响的研究。

本研究以中国长江流域典型湖泊——滇池（高原湖泊）为对象，以“筛□评□控”为核心指导思想，面向水生态完整性，从长期生态环境演变视角出发，融合化学、生物及生态毒理多源数据，构建了通过靶向与非靶向分析技术识别湖泊环境中优控污染物的方法，明确对湖泊水生态完整性具有长期毒性作用的SCs，并探究其可能的影响机制。

高分辨质谱（HRMS）筛查出158种人为源高生物毒性SCs，其水生态风险呈生活源>工业源>交通源>农业源特征。多元统计分析“剂量□响应”关系揭示SCs是影响湖泊真核浮游植物□大型无脊椎动物群落结构变化的关键因素之一。大型无脊椎动物相较于浮游植物对SCs更敏感，是SCs影响水生态系统的关键节点。其中，十烷-1-磺酸（药物）、12□羟基十八烷基过氧十八酸酯（橡胶成分）和多效唑（农药）为最高等级候选优控污染物。

关键词：水生态完整性，合成化学品，群落结构，历史演变。

作者简介：高云泽，1994年12月，男，山西盂县，博士研究生，同济大学，新污染物与生态健康，上海市杨浦区四平路1239号，yzg19942017@163.com。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

6 基于湖北省14个中小型湖泊的鱼类eDNA监测研究

吴冬晴[1]，汤敏喆[1]，熊晶[1]

1.湖北省生态环境监测中心站，湖北武汉 430072

摘要：基于高通量测序技术对湖北省内梁子湖、汤逊湖、仙岛湖和西凉湖等14个湖泊表层水中的鱼类eDNA进行了宏条形码分析，旨在验证eDNA技术用于鱼类物种多样性监测的可行性。2023年10月，选取湖北省内14个中小型湖泊的39个采样点位，采用MGI环境DNA提取试剂盒，以鱼类12S rRNA基因为靶点设计MiFish引物进行PCR扩增，与12S数据库比对并经人工核实。结果显示，调查期间共检测到鱼类86种，隶属于13目、25科、51属，鲤形目鲤科鱼类为优势类群，真吻虾虎鱼（Rhinogobius similis）、鳙（Hypophthalmichthys nobilis）、鲤（Cyprinus carpio）、鲦（Hemiculter leucisculus）、鲫（Carassius auratus）、麦穗鱼（Pseudorasbora parva）、中华鳑鲏（Rhodeus sinensis）、大鳍鱊（Acheilognathus macropterus）、达氏鲌（Chanodichthys dabryi）、乌鳢（Channa argus）为优势物种。研究结果表明eDNA技术可快速无干扰地实现鱼类物种多样性组成分析，为湖泊鱼类资源调查及多样性保护提供有力的科学支撑。

关键词：eDNA；宏条形码；湖北；湖泊；鱼类物种多样性

作者简介：吴冬晴，1990年11月，女，湖北随州，博士研究生，工程师，湖北省生态环境监测中心站，环境DNA监测，武汉市武昌区公正路28号，winsunshine@outlook.com。

7 海南三亚湾全氟/多氟化合物的污染特征及生态风险

Pollution Characteristics and Ecological Risks of poly- and perfluoroalkyl substances (PFASs) in Sanya Bay, Hainan, China

张鸿锦[1]，罗佳雨[2]，郭团祺[3]，苗江威[4]，王团团[5]，王赛[6] *

1. 海南大学海洋生物与水产学院，海口 570228
2. 王赛，E-mail: sw@hainanu.edu.cn

摘要：全氟/多氟化合物（PFASs）为人工合成有机物，广泛使用造成的污染备受关注。随着海南自贸港的建设和经济的快速发展，海南岛的 PFASs 污染问题日益凸显。海南岛作为旅游旺岛，对于PFASs 污染的研究非常有限。本研究详细分析了 25 种 PFASs 在三亚湾海水中的污染特征、空间分布、来源解析和生态风险。结果显示，三亚湾海水中总PFASs（ΣPFASs）浓度均值为0.32ng·L^{-1}（< 0.01~4.48ng·L^{-1}），其中 6:2 氟聚磺酸（2.21 ng·L^{-1}，27.5%）、全氟丁酸（1.36 ng·L^{-1}，22.4%）和全氟辛酸（1.80 ng·L^{-1}，16.9%）是主要的 PFASs。在空间分布上，外侧靠近南海的位点由于人为干扰较少，PFASs 浓度较低（nd~2.07ng·L^{-1}）；北侧靠近三亚湾的位点由于游客和游船多，PFASs 浓度较高（nd~ 4.48 ng·L^{-1}）。主成分分析(PCA)和正矩阵分解模型（PMF）源解析结果显示，污水处理厂出水排放、固体废物垃圾渗滤液、轮船废水排放和消防灭火器的使用是三亚湾PFASs主要来源。所有PFASs中，仅全氟辛烷磺酰胺（FOSA）和全氟十三酸（PFTrDA）在O7位点出现低风险，其余位点暂无风险，但长链 PFASs 潜在的生物富集风险不容忽视。研究结果可为了解三亚湾PFASs的污染状况和潜在来源提供关键数据。

关键词：全氟化合物; 三亚湾; 海洋牧场; 污染特征; 生态风险

作者简介：张鸿锦，2001年生，男，内蒙古呼和浩特市，硕士。就读海南大学，主要从事环境污染物治理研究。海南海口，E-mail：1664953827@qq.com

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

7 Pollution Characteristics and Ecological Risks of poly- and perfluoroalkyl substances (PFASs) in Sanya Bay, Hainan, China

Abstract: Perfluoro/fluoro compounds (PFASs) are synthetic organic substances that have been widely used, and the resulting pollution has attracted much attention. With the construction of the Hainan Free Trade Port and the rapid economic development, the PFASs pollution problem on Hainan Island has become increasingly prominent. As a popular tourist island, the research on PFASs pollution on Hainan Island is very limited. This study analyzed the pollution characteristics, spatial distribution, source identification, and ecological risks of 25 types of PFASs in the seawater of Sanya Bay. The results showed that the mean concentration of total PFASs (ΣPFASs) in the seawater of Sanya Bay was 0.32 ng·L-1 (<0.01~4.48 ng·L^{-1}), among which 6:2 perfluoropoly sulfonic acid (2.21 ng·L^{-1}, 27.5%), perfluorobutanoic acid (1.36 ng·L^{-1}, 22.4%), and perfluorooctanoic acid (1.80 ng·L^{-1}, 16.9%) were the main PFASs. In terms of spatial distribution, the sites on the outer side close to the South China Sea had lower PFASs concentrations due to less human interference (nd~2.07 ng·L^{-1}); the sites on the north side close to Sanya Bay had higher PFASs concentrations due to the presence of tourists and cruise ships (nd~ 4.48 ng·L^{-1}). The results of principal component analysis (PCA) and positive matrix factorization model (PMF) source identification showed that the main sources of PFASs in Sanya Bay were wastewater discharge from sewage treatment plants, leachate from solid waste, ship wastewater discharge, and the use of fire extinguishers. Among all PFASs, only perfluorooctanesulfonamide (FOSA) and perfluorodecanoic acid (PFTrDA) showed low risks at the O7 site, while no risks were observed at other sites, but the potential bioaccumulation risk of long-chain PFASs cannot be ignored. The research results can provide key data for understanding the pollution status and potential sources of PFASs in Sanya Bay.

8 基于eDNA技术解析近岸海域微生物污染来源

明红霞[1]，陈紫琪[1, 2]，潘雯静[1]，樊景凤[1]*

1.国家海洋环境监测中心，大连，116023
2.上海海洋大学，上海市，201306
3.通讯作者樊景凤，fanjingfeng@126.com

摘要：粪便污染是近岸海域持续存在的公共卫生问题，粪便微生物可能通过娱乐接触危害公众健康。本研究基于eDNA测序的微生物源示踪（Microbial Source Tracking，MST）技术分析了海湾微生物群落图谱，结合source tracker算法评估不同污染源的贡献率。结果表明，星海湾浴场海水样品优势菌属为Clade_Ia属（41.69%），拟杆菌属（8.78%）和克雷伯氏菌属（7.22%）。砂样中丰度最高的为埃希氏菌属（6.40%）和交替单胞菌属（2.96%）。污水中丰度最高的细菌为Clade_Ia（21.44%），克雷伯氏菌属（11.86%），拟杆菌属（5.30%）。SourceTracker算法进一步证实，污水是海水中细菌群落的主要污染源，其贡献率为38.57%-86.98%；鸟源、狗源和人源粪便的贡献率为0.12%-0.76%、0.06%-0.61%、0.08%-0.50%；干砂、湿砂和沉积物的贡献率为0.27%-2.56%、1.10%-10.54%、0.31%-2.97%。鸟源、狗源和人源粪便对砂样中细菌群落的贡献率分别为0.18%-11.25%、0.36%-14.25%、0.34%-9.07%，雨水贡献范围为0.12%-62.03%，污水贡献范围为0.29%-19.70%，从整体上看砂样受外源影响比海水要高。凌水湾海水优势菌属为弓形菌属和拟杆菌属，主要存在于人和动物肠道的菌属，此外，亚硫酸盐杆菌属、甲基杆菌属等有机污染物降解菌也是海水中的优势菌属，表明污水排放可能向海水中引入大量有机物污染物。SourceTracker算法进一步证实，污水处理厂出水是海水最主要的污染源，3处排放口的平均相对污染贡献分别达8.6%、18.0%和52.3%。雨水（2.4%）、沙子（1.6%）和沉积物（1.5%）相对贡献较低，但持续对海水产生污染。研究探究了病原微生物的主要污染来源和分布特征，揭示了外源污染对浴场微生物安全的影响，为海湾污染治理提供科学依据。

关键词：eDNA，微生物群落结构，溯源，source tracker算法，海湾

作者简介：明红霞，1981.05，女，山东德州，博士研究生，研究员，国家海洋环境监测中心，海岸微生物，大连市沙河口区凌河街42号，mingtianhx@163.com

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

9 基于环境DNA的万泉河流域鱼类多样性的时空分布特征及影响因素

Distribution and influencing factors of fish diversity in the Wanquan River based on environmental DNA

雷俊[1, 2]，黎平*[1]，刁晓平*[1, 2]

1.海南大学 生态学院，海南 海口 570228
2. 海南大学 南海海洋资源利用国家重点实验室，海南 海口 570228
*通讯作者：黎平，Email：li.ping@hainanu.edu.cn; 刁晓平，Email：diaoxip@hainanu.edu.cn

摘要：鱼类是水生生态系统的关键指示物种，其种群动态与多样性变化对生态平衡具有重要意义。万泉河是海南岛的典型热带河流，拥有丰富的鱼类资源。近年来，受气候变化和人类活动的双重影响，亟需开展万泉河鱼类资源现状调查。本研究采用环境DNA（eDNA）技术，结合传统渔获法，对万泉河流域鱼类多样性的时空分布特征及其环境驱动因素进行了系统分析。本研究在雨季和旱季共检测到鱼类17目57科127属，其中eDNA共检出76种鱼类，而传统渔获法仅检出44种，二者均以鲤形目、鲈形目和鲇形目为主。鱼类群落组成具有明显的季节性差异：旱季鱼类的丰富度指数、多样性指数和均匀度指数均高于雨季。此外，在万泉河共发现14种非本土鱼类，多个样点检出了较高丰度的齐氏非鲫与尼罗口孵非鲫等外来物种，表明存在外来物种入侵的风险。万泉河上游鱼类群落的分布主要受温度、pH、溶解氧和化学需氧量等因素影响；而中下游则与总氮和氨氮显著相关。eDNA是作为一种高效、非侵入性的生物监测方法，在热带河流中鱼类多样性监测方面具有一定的应用潜力。本研究可为万泉河鱼类资源的保护、外来物种预警及生态管理提供一定的科学依据。

Fish are key indicator species in aquatic ecosystems, and their population dynamics and diversity are crucial for maintaining ecological balance. The Wanquan River, a typical tropical river on Hainan Island, harbors rich fish biodiversity. In recent years, the combined impacts of climate change and human activities have highlighted the urgent need for a comprehensive assessment of fish resources in this region. In this study, environmental DNA (eDNA) technology, combined with traditional capture methods, was employed to systematically analyze the spatiotemporal distribution patterns of fish diversity and the associated environmental drivers in the Wanquan River Basin. During both the rainy and dry seasons, a total of 17 orders, 57 families, and 127 genera of fish were detected. Of these, 76 species were identified using eDNA, while only 44 species were captured through traditional methods. Both approaches indicated that Cypriniformes, Perciformes, and Siluriformes were the dominant groups. Fish community composition exhibited marked seasonal differences, with richness, diversity,

and evenness indices all higher in the dry season compared to the rainy season. Additionally, 14 non-native fish species were identified across the basin. Notably, Coptodon zillii and Oreochromis niloticus were found at high abundance in several sites, suggesting a potential risk of biological invasion. The distribution of fish communities in the upstream regions was mainly influenced by temperature, pH, dissolved oxygen, and chemical oxygen demand, whereas total nitrogen and ammonia nitrogen were the key factors in the mid- and downstream areas. As an efficient and non-invasive monitoring tool, eDNA shows considerable potential for assessing fish diversity in tropical river systems. The findings of this study provide scientific support for fish conservation, early warning of invasive species, and ecological management in the Wanquan River Basin.

关键词：万泉河；生物多样性；eDNA；鱼类群落；环境因子

10 整合水生eDNA与遥感优化水陆耦合生态安全格局——以东江流域为例

Integrating Aquatic eDNA and Remote Sensing to Optimize a Coupled Terrestrial–Aquatic Ecological Security Pattern: A Case Study of the Dongjiang River Basin English Title, Capitalize First Letter

莫小璇[1]，孙学超[1]，吴申浩[2]，徐颂军

1.华南师范大学，广州510631
2.深圳市环境科学研究院，深圳 518000
3. 徐颂军，xusj@ scnu.edu.cn

摘要：在全球生物多样性丧失和快速城市化的背景下，传统生态安全格局（ESP）构建方法多聚焦陆地生态系统，而忽视水域生态数据。本研究提出一种创新框架，整合环境DNA（eDNA）宏条形码技术和Sentinel-2遥感数据，以中国东江流域为例，构建水陆协同的生态安全格局。研究对比两种模型：模型1仅基于VEST模型识别陆地生态源；模型2在模型1的基础上，融合鱼类多样性数据和15种植被指数，利用随机森林分类器预测物种分布以划分河流生态源地。随后2个模型均结合PCA加权环境与人类活动因子构建景观阻力面。基于电路理论和LinkageMapper工具，识别关键生态廊道，并通过图论分析评估网络连通性和稳健性。结果表明，模型2显著优于模型1，识别出109个栖息地斑块（比模型1增加46个）和263条廊道（模型1为143条），形成更密集、连通性更强的生态网络。该网络有效提升边缘栖息地连接度，并在模拟栖息地丧失时表现出更高稳健性。然而，研究仍受限于关键环境变量（如水温、浊度）的缺失及eDNA采样的时空范围。未来需整合多源水文数据、开展多季节eDNA监测，并优化建模方法，以提升生物多样性保护与生态网络规划的精准性。

Abstract：Under the dual pressures of global biodiversity loss and rapid urbanization, traditional ecological security pattern (ESP) construction methods have predominantly focused on terrestrial ecosystems while neglecting aquatic ecological data. This study proposes an innovative framework that integrates environmental DNA (eDNA) metabarcoding technology and Sentinel-2 remote sensing data to construct a land-water synergistic ESP, using China's Dongjiang River Basin as a case study. Two models were compared: Model 1 identified terrestrial ecological sources solely based on the VEST model, while Model 2 incorporated fish diversity data and 15 vegetation indices on top of Model 1, utilizing a random forest classifier to predict species distributions and delineate river ecological source areas.Both models subsequently integrated PCA-weighted environmental and human activity factors to

areas.Both models subsequently integrated PCA-weighted environmental and human activity factors to construct a landscape resistance surface. Key ecological corridors were identified using circuit theory and the LinkageMapper tool, with network connectivity and robustness evaluated through graph theory analysis. The results demonstrated that Model 2 significantly outperformed Model 1, identifying 109 habitat patches (an increase of 46 compared to Model 1) and 263 corridors (versus 143 in Model 1), forming a denser and more interconnected ecological network. This network effectively enhanced the connectivity of marginal habitats and exhibited greater robustness when simulating habitat loss. However, the study was limited by the absence of key environmental variables (e.g., water temperature, turbidity) and the spatiotemporal scope of eDNA sampling. Future research should integrate multi-source hydrological data, conduct multi-season eDNA monitoring, and refine modeling methods to improve the precision of biodiversity conservation and ecological network planning.

关键词：eDNA元条形码，Sentinel-2，生态安全模式，淡水生物多样性，随机森林

Key words: eDNA meta-barcodes, Sentinel-2, ecological security model, freshwater biodiversity, Random forest

作者简介：莫小璇，2001年4月，女，广东广州，硕士研究生，就读于华南师范大学，研究方向为环境生态，通讯地址：华南师范大学，邮箱地址：moxiaoxuan@m.scnu.edu.cn。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

11 基于机器学习的热带河流BMWP指数预测与风险预警

符国平[1]，王赛[1]*

1. 海南大学，海口，570228
2. 王赛，sw@hainanu.edu.cn

摘要：热带河流面临日益严峻的污染负荷与生态退化问题，需要高效、可解释的生态健康评估工具。生物监测工作组指数（BMWP）作为水质生态评价的重要指标，传统评估方法存在效率低与主观性强的问题。因此，本文基于海南省“两江一河”流域161组底栖动物数据，选取9个关键生态指标，构建多种机器学习模型进行BMWP预测。结果表明LASSO回归模型在测试集上性能最优（R^2 = 0.88），具备良好的稳定性与泛化能力。结合SHAP方法对模型进行解释，发现Shannon指数、敏感类群数量和Hilsenhoff指数是影响BMWP变化的主要因子，前两者对水质改善呈正向贡献，而Hilsenhoff指数则与污染风险密切相关。在此基础上，进一步将BMWP预测值划分为高、中、低三类风险等级，不同等级下关键生态指标分布差异显著。空间分析结果显示，昌化江上游和下游存在高风险聚集，南渡江流域呈现由上游低风险向下游高风险递增趋势，万泉河则整体生态状况较优。研究构建了一种集预测、解释与预警于一体的评估框架，为热带河流生态风险识别与空间化管理提供了有力支撑。

关键词：机器学习；可解释性；BMWP指数；海南省；风险评估

作者简介：符国平，2001年5月，男，中国，在读硕士，学生，海南大学，机器学习运用于生态学，海南省海口市美兰区人民大道58号海南大学，320482531@qq.com。

11 Prediction and Risk Warning of BMWP Index of Tropical Rivers Based on Machine Learning

Abstract: Tropical rivers are confronted with increasingly severe pollution loads and ecological degradation problems, and thus require efficient and interpretable ecological health assessment tools. The Biological Monitoring Working Party index (BMWP) is an important indicator for ecological assessment of water quality. However, traditional assessment methods suffer from low efficiency and strong subjectivity. Therefore, based on 161 groups of benthic animal data from the "Two Rivers and One Stream" basin in Hainan Province, this paper selects nine key ecological indicators and builds multiple machine learning models for BMWP prediction. The results show that LASSO regression has the best performance on the test set (R^2 = 0.88), with good stability and generalization ability. By combining the SHAP method to explain the model, it is found that the Shannon index, the number of sensitive groups, and the Hilsenhoff index are the main factors affecting the change of BMWP. The first two have a positive contribution to water quality improvement, while the Hilsenhoff index is closely related to pollution risk. On this basis, the predicted BMWP values are further classified into high, medium, and low risk levels, and the distribution of key ecological indicators varies significantly among different levels. Spatial analysis results show that there are high-risk clusters in the upper and lower reaches of the Changhua River, while the Nandu River basin shows an increasing trend from low risk in the upper reaches to high risk in the lower reaches. The Wanquan River, on the other hand, has an overall better ecological condition. This study constructs an assessment framework integrating prediction, explanation, and early warning, providing strong support for the identification and spatial management of ecological risks in tropical rivers.

Keywords: machine learning; interpretability; BMWP index; Hainan Province; risk assessment

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

12 相对于锂离子，磷酸铁锂微/纳米颗粒在新生大型溞体内的生物蓄积和毒性增强

赵宇飞，范文宏 *

北京航空航天大学材料科学与工程学院

摘要：在清洁能源技术的推动下，对锂的需求不断增长，增加了水生生态系统的环境风险。然而，对其生态毒性的研究仍然有限，大多数研究集中在锂离子毒性上，而对颗粒锂毒性的了解甚少。本研究选择两种粒径的磷酸铁锂（LFP）和锂离子，研究它们在大型溞（Daphnia magna）幼体体内的生物动力学过程和毒性作用。采用双室毒性动力学模型，结果表明LFP具有比离子更高的生物蓄积潜力，其在μm尺度上的蓄积比纳米尺度上的蓄积更为明显。此外，锂通过破坏离子平衡和能量供应导致发育障碍，包括体长减小和眼点畸形。这些影响在LFP暴露下更为严重。由于nm-LFP体积小，易于内化，因此与μm-LFP相比，nm-LFP引起的氧化应激更严重，这可以从活性氧和丙二醛的积累中看出，而锂离子对抗氧化系统的影响最小。研究结果强调了锂的形态和尺寸特异性在生物动力学和毒性中的关键作用，为评估水生环境中锂基电池材料的生态风险提供了依据。

关键词：锂污染; 水生毒理学; 生物积累; 氧化应激; 毒性动力学模型

13 甲藻生活史转换与藻际细菌、真菌多样性及其功能的动态互作

岳彩霞[1, 2]，柴召阳[1, 3]，李凤婷[1, 3]，尚丽霞[1, 3]，胡章喜[4]，邓蕴彦[1, 3],*，唐赢中[1, 3],*

1.中国科学院海洋生态与环境重点实验室 中国科学院海洋研究所 青岛 266071
2.南京海关动植物与食品检测中心 南京 210019
3.yunyandeng@qdio.ac.cn; yingzhong.tang@qdio.ac.cn

摘要：近几十年来，海洋有害藻华在世界范围内频繁暴发，且发生频次、范围和持续时间呈现明显的上升趋势。甲藻在全球范围内广泛引发有害藻华的原因种中占44%，所有海洋微藻藻华事件中约75%由甲藻引发。某些甲藻种类在其生活史的特殊阶段可以形成休眠孢囊，对甲藻有害藻华的发生和地理扩散具有重要意义。然而，作为甲藻生活史中的重要休眠阶段，休眠孢囊藻际环境中微生物组成、群落结构等基本信息尚未见报道。本研究以典型产孢囊甲藻尖顶斯氏藻（Scrippsiella acuminata）为研究对象，通过16SrRNA和ITS扩增子测序技术分析了其不同生活史阶段长期共生的细菌-真菌微生物组特征，并运用PICRUSt2算法预测其功能。主要研究结果包括：1）藻际细菌-真菌微生物组呈现高度物种多样性；2）具备多样且灵活代谢能力的细菌与实验室培养的S. acuminata稳定共存；3）附生与游离细菌-真菌微生物组在营养偏好上存在显著差异；4）孢囊相关微生物组的物种多样性及群落结构与营养细胞阶段存在显著差异，后者富集更多具有解磷功能的微生物类群。结果表明，宿主相关微生物组的相对丰度及群落结构会随生活史阶段转变和环境条件变化而发生动态调整。本研究揭示了细菌-真菌微生物组与甲藻宿主间存在紧密关联，宿主不同生活史阶段会特异性塑造其藻际微生物群落，最终形成动态且特异的互作关系。

关键词：甲藻，休眠孢囊，附生群落，游离群落，解磷微生物

作者简介：岳彩霞，1996.12，女，山东济南，博士后，南京海关动植物与食品检测中心/中国科学院海洋研究所，浮游植物生理生态学，江苏省南京市建邺区创智路39号，976350906@qq.com

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

14 基于病毒宏基因组的饮用水水源地病毒群落及功能基因季节性动态分析

Viral metagenomics reveals seasonal dynamics of viral communities and functional genes in drinking water source

程夏，王凡，周小红†

清华大学，环境学院，北京 100084
†周小红 E-mail: xhzhou@mail.tsinghua.edu.cn

摘要：解析饮用水水源地中的病毒群落及其功能潜力对于保障饮用水安全具有重要意义。本研究从上海市重要的水库型饮用水水源地（陈行水库）收集了4个季节的大体积原水样本，每个样本360L，利用阳离子膜过滤-离心超滤联合富集方法对原水进行富集浓缩，以尽可能去除宿主细胞，实现对病毒颗粒的选择性富集。并进一步运用病毒宏基因组学对富集的病毒进行了测序和分析，揭示了饮用水水源地中的病毒群落组成、多样性、生活方式以及功能基因的季节性动态变化。

结果表明，本研究提出的大体积水样采集与阳离子膜过滤-离心超滤联合富集方法，具有良好的富集效率和适用性，为低浓度病毒核酸样本中病毒组的解析提供了一种高效可行的技术手段。我们共鉴定出160多万个病毒连续片段（contigs），其中Uroviricota、Phixviricota和Lenarviricota、Pisuviricota分别是DNA病毒和RNA病毒中的优势门。并观察到病毒的生活方式（溶原型和裂解型）呈现明显的季节性动态特征，这种变化可能与水源地原水营养状态的季节性波动密切相关。值得注意的是，冬季水样中检测到的高风险病毒类别（单链RNA病毒与双链RNA病毒）的相对丰度明显高于其他季节，提示高风险病毒在低温条件下可能具备更强的适应性与传播潜力。在功能基因层面，鉴定出多种病毒编码的辅助代谢基因，这些基因可能在增强宿主微生物代谢潜力方面发挥关键作用。此外，我们还检测到由病毒携带的4类抗生素抗性基因和18类毒力因子基因，这些基因具有潜在的水平转移能力，可能对宿主微生物群落的抗性与致病性产生影响。

关键词：饮用水水源地；病毒宏基因组学；病毒群落结构；功能基因；季节性动态

Abstract: Despite the critical importance of elucidating viral communities and their functional potentials in drinking water sources, studies investigating the viral metagenome in these environments remain scarce. In this study, a large-volume raw water collection method was introduced to seasonally collect water samples (360 L each) from a major drinking water source in Shanghai (Chenhang Reservoir). Following concentration and sequential enrichment of viral particles via cationic membrane filtration and centrifugal ultrafiltration, viral metagenomic sequencing and analysis were conducted to elucidate the seasonal dynamics in the composition, diversity, and life strategies of viral communities, as well as auxiliary metabolic genes (AMGs) and antibiotic resistance genes (ARGs). The results demonstrated that the proposed sampling and enrichment strategy–combining large-volume collection with cationic membrane filtration followed by centrifugal ultrafiltration–can yield rich viromic and functional information from raw source water, providing an effective approach for analyzing low-biomass viral nucleic acid samples. Over 1.6 million viral contigs were recovered, with Uroviricota and Phixviricota the most abundant DNA viruses, and Lenarviricota and Pisuviricota among RNA viruses. Seasonal shifts in viral life strategies likely reflect changes in nutritional conditions within the watershed. Notably, high-risk viral groups, including single-stranded RNA and double-stranded RNA viruses, exhibited markedly increased relative abundance in winter, indicating enhanced adaptability and dissemination capacity under cold conditions. Numerous auxiliary metabolic genes (AMGs) implicated in the enhancement of microbial metabolic pathways were identified. Additionally, four viral-encoded antibiotic resistance genes (ARGs) and eighteen virulence factor genes (VFGs) were identified. These genes exhibit potential for horizontal transfer, which may contribute to the dissemination of resistance and virulence traits within host-associated microbial communities.

Keywords: drinking water source; viral metagenomics; viral community structure; functional genes; seasonal dynamics

作者简介：程夏（1994.06-），男，清华大学环境学院博士研究生，研究方向为基于环境DNA的水生态综合监测技术。E-mail: cheng-x23@mail.tsinghua.edu.cn

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

15 环境DNA元条形码揭示冰川消融离子脉冲现象对长江源河流生态系统多营养群落的影响

杨凡，庞洪喜 *

清华大学，环境学院，北京 100084
†周小红 E-mail: xhzhou@mail.tsinghua.edu.cn

摘要：冰川消融产生的离子脉冲现象显著影响了河流水体的理化性质，并对水生生物群落产生一系列影响。然而，目前关于其对多营养级生物群落结构与生态网络影响的研究仍较为匮乏。本研究基于环境DNA（eDNA）元条形码技术，研究了冰川消融离子脉冲现象对长江源河流生态系统多营养群落的影响。结果表明：离子脉冲显著改变了河流生态系统中藻类、无脊椎动物和鱼类的物种组成，降低了细菌的α多样性，导致生物群落结构出现显著差异。物种更替与多样性变化反映出不同类群对水温、电导率（EC）及营养盐波动的生态响应差异：硅藻等耐受类群在离子脉冲期间占优势，而绿藻、轮虫等对水温升高响应迅速的类群在脉冲后迅速扩张；细菌多样性下降则主要受渗透胁迫影响，导致敏感类群活性受抑；群落结构的变化是水温、pH、电导率以及氮、磷营养盐共同驱动的结果。共现网络分析表明，脉冲期间网络结构较为简化，连接性与模块化程度较低，可能反映出群落为应对环境胁迫而降低互作强度以增强稳态性；而脉冲后网络复杂性与功能分区显著增强，关键节点覆盖多个营养类群，显示出系统恢复与结构重建的特征。本研究揭示了离子脉冲在物种、多样性和网络结构等多个层面对河流生态系统的影响机制，为高原地区生态保护与环境扰动响应提供理论支撑。

关键词：eDNA；离子脉冲；长江源；多营养群落

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

16 eDNA-based insights into the diversity, spatiotemporal patterns, and ecological drivers of elasmobranchs in coastal Guangdong

Yixuan Tang[1], Zifang Liu, Zhenye Cai, Yuan Zhang

1. Guangdong University of Technology, Guangzhou, 510006

Abstract: The coastal waters of Guangdong, southern China, represent a global hotspot of marine biodiversity, supporting numerous threatened large marine vertebrates, particularly elasmobranchs such as sharks and rays. However, conventional survey methods such as bottom trawling are constrained by mesh size limitations and often pose ecological risks, especially to these endangered species. Consequently, the diversity and spatiotemporal distribution patterns of large marine fauna in this region remain poorly documented due to the lack of systematic, non-invasive monitoring efforts.

In this study, we conducted environmental DNA (eDNA) metabarcoding surveys across 25 stations in Guangdong in Feb(dry season) and June(wet season) in 2024. A total of 22 elasmobranch species were detected, including one Critically Endangered, five Endangered, and nine Vulnerable species. Species detected matched historically recorded species proves our eDNA approach provided a reliable, rapid, non-invasive alternative to assess threatened elasmobranchs. Significant differences in species composition were observed across seasons($p < 0.003$) and depth strata ($p < 0.001$).

Structural equation modeling (SEM) revealed that the spatial distribution of teleost fishes (used as proxies for potential prey availability) was significantly associated with nitrogen-based nutrients and varied seasonally. Teleost abundance was indirectly linked to both the abundance and size of benthic elasmobranchs, suggesting that prey availability may influence the spatial structuring of these predator assemblages.

Overall, eDNA metabarcoding represents an effective tool for non-invasive monitoring of large marine fauna in the coastal ecosystems of Guangdong, offering new insights into biodiversity patterns and their environmental drivers.

Keywords: eDNA, Elasmobranchs, Spatiotemporal distribution, Potential food resources, Coastal South China

Author Information: Yixuan Tang, April 2001, female, Hunan, graduate student, Guangdong Univ Technol, Marine Biodiversity

Corresponding Address Yuan Zhang(corresponding author)

Guangdong Univ Technol, Guangdong Basic Res Ctr Excellence Ecol Secur & Gr, Sch Ecol Environm & Resources, Guangdong Prov Key Lab Water Qual Improvement & Ec, Guangzhou 510006, Peoples R China

E-mail Addresses: kristentangtyx@163.com; zhang.yuan@gdut.edu.cn

Addresses: 1 Guangdong Univ Technol, Guangdong Basic Res Ctr Excellence Ecol Secur & Gr, Sch Ecol Environm & Resources, Guangdong Prov Key Lab Water Qual Improvement & Ec, Guangzhou 510006, Peoples R China

17 基于eDNA的鱼类群落调查技术优化

邓文超，陈秋实，杨军 *

中国科学院城市环境研究所

摘要：eDNA分析评估生物多样性的主要优势在于，无需直接收集或观察生物个体即可推断其存在。然而，这一“间接推断”特性有时也被视为其最大的局限性，阳性结果可能与DNA的迁移、水体输送、测序错误或数据库分类错误有关。因此，eDNA的整个工作流程在每个阶段都必须采用严格操作方法和最佳实践，设置阴性对照和阳性对照，以尽量减少假阳性结果的风险。本研究通过构建已知鱼类物种的模拟群落，探究引物、文库构建、测序过程、注释数据库等对鱼类群落注释结果的影响，可为鱼类群落调查技术优化提供参考。各引物构建文库的鱼类序列占比在8个实验室研究结果相似，其中AC12S占比最低（~53%），MiFish（~74%）和Tele02（~77%）较接近。AC12S文库的OTUs数量普遍高于MiFish和Tele02；对于同一种引物，不同实验室间的OTUs数量存在数量级的差异。PCoA分析表明，使用NT数据库的不同实验室物种组成更相似，而使用自建数据库的差异较明显，说明注释数据库显著影响物种组成。物种注释结果存在假阴性（模拟群落中存在但测序结果中不存在的物种）和假阳性（模拟群落中不存在但测序结果中存在的物种）。对于各实验室的同一模拟群落，主要物种的相对丰度在3对引物中相近。有些（特别是低丰度的）假阳性在引物和实验室之间存在差异，说明真实物种组成要根据实际调查和历史数据进行核验。本研究证明了引物、文库构建、测序过程[JY1] 、注释数据库在多个方面影响鱼类群落组成结果，暗示在进行鱼类群落调查时应统一采用优化方法，保证结果的可重复性，也使不同研究之间具有可比性。

关键词：eDNA、鱼类模拟群落、物种组成、引物选择、注释数据库

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

18 基于空气环境DNA被动采样技术的新型生物多样性监测方法

林芮昀[1,2]，闫姿伶[2,3]，姚蒙[1,2,4]

1. 北京大学生命科学学院，北京，100871
2. 北京大学生态研究中心，北京，100871
3. 北京大学城市与环境学院，北京，100871
4. 通讯作者，yaom@pku.edu.cn

摘要：环境DNA（eDNA）技术是近年兴起的一种高灵敏度、无损伤性且标准化的生物多样性检测技术，目前对于水体、沉积物等介质的应用已相对成熟。空气已被证明富含各种生物释放的DNA，是进行生物多样性调查和了解周边环境状况的重要信息来源，并同我们的生活和健康直接相关。然而，目前空气eDNA的相关研究刚刚起步，其采集方法的复杂性与收集时长效应的不确定性限制了其广泛应用。为解决上述问题，本研究自主设计了一种高效便捷的被动采样方案，并对其进行材料优化与时间效应解析。我们系统比较了静电除尘纸（EDC）与8种不同材质的滤膜和5种黏附性材料在春、秋两个季节的自然生境下对空气eDNA的吸附性能，通过宏条形码分析共检测到485个植物分类单元和132个脊椎动物分类单元，其中EDC检出的物种丰富度显著高于其他材料。采样时长研究表明，植物空气eDNA群落组成呈现快速的日尺度动态更替特征，检出的物种丰富度同采样时长负相关，检出的脊椎动物物种丰富度则同采样时长正相关。本研究证实EDC作为一种经济、简便的被动采样材料，可高效捕获环境空气中的生物多样性信息。同时，我们的采样方案能够为大尺度、高时间分辨率下植物、真菌等类群的物候及群落动态监测提供有力的技术支持。

关键词：空气eDNA，环境DNA宏条形码，生物多样性监测，被动采样

作者简介：林芮昀（2000.7-），女，山东烟台人，北京大学博士研究生，研究方向分子生态学，邮箱：linruiyuna@163.com

19 沉积物DNA揭示了人为富营养化驱动下滇池鱼类群落的百年演变

郝辉擘[1]，张远[1] *

1. 广东工业大学生态环境与资源学院,广东省高等学校湾区生态安全与绿色发展基础研究卓越中心,广东省流域水环境治理与水生态修复重点实验室

摘要：由于缺乏高分辨率的古生态记录，人类引起的富营养化对长期水生群落重构的影响仍然难以量化。结合沉积古DNA(sedaDNA)、同位素210Pb、37Cs的定年数据以及一些地球化学代理指标（TC、TN、TP等），研究重建了长期面临富营养化的高原湖泊滇池 120 年 (1904-2024) 的鱼类群落动态。20 世纪 70年代前滇池鱼类群落受到人类活动影响较小，群落多样性未有明显变化。20 世纪 80 年代后发生了巨大的转变：城市工业化使滇池湖泊快速转化为富营养化湖泊，鱼类α多样性显著下降（$p<0.05$），同时促进了滇池入侵种的侵入（土著85%已灭绝）。21世纪后，鱼类和蓝藻群落均有一定恢复，但是滇池生态系统已发生根本性转变，入侵种与土著种之间的食性重叠和生境挤压促成了这一点。SEM结构方程模型确定磷负荷是鱼类群落结构改变的主要直接驱动因素，超过了气候和重金属的影响。研究结果表明，富营养化触发了“营养物质 - 生境 - 竞争排斥”级联反应，导致 30 年内不可逆转的群落变化。SedaDNA 重新呈现了富营养化湖泊鱼类群落的演变历程，强调了让人类活动在鱼类群落结构演变中的主要影响。

关键词：沉积物eDNA, 生物多样性，富营养化，人类活动

作者简介：郝辉擘，1996年9月11日，男，山西省孝义市，博士研究生，无，广东工业大学，水生态修复，广东省广州市番禺区小谷围街广州大学城外环西路100号，hhb86629@163.com。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

19 Sedimentary DNA Reveals a Century of Anthropogenic Eutrophication-Driven Fish Community Transformation in Lake Dianchi

Hao Huibo[1], Zhang Yuan[1] *

1: Guangdong Basic Research Center of Excellence for Ecological Security and Green Development, Guangdong Provincial Key Laboratory of Water Quality Improvement and Ecological Restoration for Watersheds, School of Ecology, Environment and Resources, Guangdong University of Technology, Guangzhou 510006, P.R.China

Abstract: Quantifying the impacts of human-induced eutrophication on long-term aquatic community restructuring remains challenging due to scarce high-resolution paleoecological records. By integrating sedimentary ancient DNA (sedaDNA), 210Pb、37Cs dating, and geochemical proxies (TC, TN, TP, etc.), we reconstructed 120 years (1904–2024) of fish community dynamics in Lake Dianchi—a chronically eutrophic plateau lake. Pre-1970s fish communities maintained stable diversity with minimal anthropogenic disturbance. A regime shift occurred post-1980s: rapid urban industrialization accelerated eutrophication, triggering significant declines in fish α-diversity ($p < 0.05$) and facilitating invasive species colonization, which drove an 85% extinction rate among endemic fishes. Partial recovery of fish and cyanobacterial communities emerged in the 21st century, yet the ecosystem underwent irreversible transformation characterized by dietary niche overlap and habitat compression between invasive and surviving native species. Structural equation modeling (SEM) identified phosphorus loading as the primary direct driver of fish community reorganization, exceeding effects of climate and heavy metals. Our findings demonstrate that eutrophication initiated a "nutrient-habitat-competitive exclusion" cascade,causing irreversible community restructuring within three decades. SedaDNA reconstructs the evolutionary trajectory of fish communities in eutrophic lakes, highlighting the dominant role of human activities in reshaping aquatic ecosystem architecture.

Keywords: SedaDNA, Biodiversity, Eutrophication , Human activities,

20 不同生态阶段滇池流域生态系统完整性的变化情况

闫子玥[1]，张远[1] *

1. 广东工业大学生态环境与资源学院,广东省高等学校湾区生态安全与绿色发展基础研究卓越中心,广东省流域水环境治理与水生态修复重点实验室，广州市，510006

摘要：滇池流域地处长江上游，其生态系统完整性至关重要。本研究基于滇池多营养级宏条形码数据与历史资料整合，探究了过去70年间滇池流域中五个生物类群（鱼类、浮游动物、浮游植物、底栖动物、水生植物）在四个生态阶段的演替规律。1960年前，滇池为草型湖泊，水质稳定在II-III类，沉水植物覆盖率超90%；滇池金线鲃（Sinocyclocheilus grahami）等土著鱼类占比超80%，生态系统较为稳定。70 - 90 年代，人类活动增加，沉水植物覆盖率骤降至12%，海菜花（Ottelia acuminata）几近消失；土著鱼类金线鲃（Sinocyclocheilus grahami）绝迹，杂食性/滤食性鱼类如鲢（Hypophthalmichthys molitrix）、鳙（Aristichthys nobilis）成为主体，蓝藻比例上升，滇池从草型湖泊向藻型湖泊过渡。2000 - 2019 年，水质恶化为劣V类，富营养化严重，水华现象频发；沉水植物覆盖率< 5 %，篦齿眼子菜（Stuckenia pectinata）等耐污种存活；土著鱼类仅存泥鳅（Misgurnus anguillicaudatus）等6种，滇池彻底转为藻型稳态湖泊。2020 年 8 月 20 日滇池实施全面禁渔政策，金线鲃（Sinocyclocheilus grahami）等土著种被重新检出，浮游动物和浮游植物多样性大幅回升，滇池生态环境得到逐步恢复。滇池禁渔后生态系统已实现部分恢复，但沉水植被的恢复与基础食物网结构的缺陷仍是关键制约。本研究为解析高原湖泊生态系统演替规律及制定有效恢复策略提供了重要科学依据。

关键词：滇池，水生态系统，演替；禁渔

作者简介：闫子玥，2002年12月31日，女，四川省遂宁市，硕士研究生，无，广东工业大学，水生态修复，广东省广州市番禺区小谷围街广州大学城外环西路100号，15808127957@163.com。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

20 Changes in Ecosystem Integrity of the Lake Dianchi Basin Across Ecological Phases

Yan Ziyue[1], Zhang Yuan[1] *

1.Guangdong Basic Research Center of Excellence for Ecological Security and Green Development, Guangdong Provincial Key Laboratory of Water Quality Improvement and Ecological Restoration for Watersheds, School of Ecology, Environment and Resources, Guangdong University of Technology, Guangzhou ,510006

Abstract: The Lake Dianchi basin, situated in the upper Yangtze River, harbors an ecosystem of critical ecological significance. This study integrates multi-trophic metabarcoding data with historical records to investigate successional patterns in five biotic groups (fish, zooplankton, phytoplankton, zoobenthos, and aquatic macrophytes) across four ecological phases over seven decades.Prior to the 1960s, Lake Dianchi existed as a macrophyte-dominated regime with Class II-III water quality. Submerged vegetation coverage exceeded 90%, while endemic fish species including Sinocyclocheilus grahami constituted >80% of fish assemblages, indicating ecosystem stability.During the 1970s–1990s, intensified anthropogenic activities reduced submerged macrophyte coverage to 12%, driving the near-extinction of Ottelia acuminata. Sinocyclocheilus grahami was eradicated, and omnivorous/filter-feeding species (Hypophthalmichthys molitrix, Aristichthys nobilis) became dominant. Cyanobacterial proliferation signaled the transition toward algal dominance.From 2000 to 2019, water quality deteriorated to Class V+ with severe eutrophication and frequent algal blooms. Submerged vegetation coverage fell below 5%, persisting only through pollution-tolerant taxa (e.g., Stuckenia pectinata). Endemic fish diversity declined to six species (e.g., Misgurnus anguillicaudatus), confirming establishment of a stable algal-dominated state. Following the comprehensive fishing moratorium (initiated August 20, 2020), endemic species including S. grahami were rediscovered. Zooplankton and phytoplankton diversity substantially increased, demonstrating progressive ecological recovery.Post-moratorium constraints persist: Submerged macrophyte regeneration and foundational food-web deficiencies remain critical bottlenecks. This research provides a scientific basis for deciphering successional mechanisms in plateau lakes and formulating effective restoration strategies.

Keywords: Dian Chi,Water ecosystem,Succession,fishing ban

21 河南省长江流域大型底栖动物调查监测与评估

李清林 * , 李清林, 戎征, 李学军, 宋东莹

河南省南水北调渠首生态环境监测与应急中心

摘要：为掌握长江流域底栖动物现状，对河南省界内长江流域28个国控地表水点位开展水生生物调查，并对底栖群落进行分析评价。结果显示：各点位底栖动物香农指数H范围为0.54～2.31，均值为1.83，评价等级处于中等水平；BMWP指数范围在32～89，均值为58.8，评价等级处于中等水平；BI指数范围为5.98～6.96，均值为6.45，评价等级处于中等水平。

关键词：水生生物调查 底栖动物评价 中等水平

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

22 基于eDNA迁移的贝叶斯模型预测闸坝型河流的鱼类多样性空间分布

吴颜岐 *

广东工业大学

摘要：环境DNA（eDNA）已成为监测淡水系统中鱼类生物多样性的一种灵敏、非侵入性工具。虽然将eDNA数据与水文模型相结合已被证明有助于推断物种分布，但大多数现有研究忽视了闸坝引起的eDNA迁移和沉降变化，这限制了其在实际河流系统中的准确性。在此，本研究开发了一个贝叶斯框架，该框架将鱼类eDNA颗粒的分布特征，水动力模型和物种分布模型相结合，明确了闸坝对eDNA沉降和降解的影响。结果表明，87.9%的eDNA颗粒≤20μm，沉降速率范围为0.001-0.281mm/s，非闸坝河段的平均沉降速率为0.028mm/s，由于絮凝作用增强，受闸坝影响的河段为0.055mm/s。将eDNA降解速率（5-40h）和沉降速率（0.023 vs. 0.052mm/s）纳入贝叶斯模型后，提高了鱼类多样性的空间预测准确性。与忽略闸坝影响的传统水文模型相比，本研究将预测准确性提高了14.3-22.8%。并且，其输出结果与已知的鱼类分布高度一致。综上，本研究提供了一种基于机理的新方法，用于解决闸坝型河流中eDNA迁移导致的鱼类多样性评估的不确定性问题。通过在贝叶斯框架中考虑闸坝因素，该模型提高了eDNA监测的可靠性，并为针对性的保护策略提供了科学依据。

关键词：环境DNA输运模型；多闸坝河流；鱼类多样性

23 沉积物DNA揭示滇池近百年蓝藻演替与生态变迁

孟涵[1]，陈光杰[1],*，孔令阳[1]，王露[1]，陈丽[1]，卢慧斌[1]

1：云南师范大学地理学部，云南省高原地理过程与环境变化重点实验室，昆明，650000
*：通讯作者，E-mail：guangjiechen@ynnu.edu.cn

摘要：滇池作为中国水污染和富营养化问题最突出的湖泊之一，蓝藻水华频繁爆发，严重威胁水质、生态系统功能和服务能力。由于长期监测数据的缺乏以及传统沉积物指标的限制，对蓝藻群落演替及其关键生物组分响应机制尚未明晰。本研究通过宏条形码技术重建了滇池近一个世纪的蓝藻群落动态轨迹，揭示了生态系统演变过程。水体样本的空间分析显示，蓝藻群落丰富度呈现明显的南北梯度分布（南部＞中部＞北部），其中铜绿微囊藻（Microcystis aeruginosa）的丰度沿富营养化梯度自北向南递减。对比分析表明，水体和表层沉积物中共同检出16个属，以微囊藻属（Microcystis）和聚球藻属（Synechococcus）为优势类群。沉积物岩芯记录了1938-2023年间26个属的演替过程，以细鞘丝藻属（Leptolyngbya）、微囊藻属、聚球藻属、鱼腥藻属（Anabaena）和念珠藻属（Nostoc）为主导。蓝藻群落的丰富度和生产力在1938-1965年间维持在较低水平，1965-2012年显著上升，2012-2020年丰富度显著下降但生产力仍持续上升，直至2020年后丰富度下降速度和生产力上升速度有所减慢。具体表现为：群落组成从底层的非水华蓝藻（如细鞘丝藻属）逐步演替为水华蓝藻（如微囊藻属和鱼腥藻属）为主的格局。这种演替过程与滇池水质和营养状态的年际变化密切相关。通过主成分分析（PCA）对古生态时间序列（蓝藻群落序列数和色素）进行统计分析，蓝藻群落序列数和色素均在1965年和2007年为群落结构转变的关键临界点。共现网络分析进一步揭示，过去一个世纪以来蓝藻群落日趋复杂但稳定性持续减弱。本研究基于沉积物DNA记录，为亚热带湖泊中蓝藻群落在气候变化与人类干扰协同作用下的长期生态响应提供了实证依据。

关键词：湖泊沉积物；古DNA；蓝藻群落；突变点；西南浅水湖泊

作者简介：孟涵，1997年3月，女，山东菏泽，博士研究生，云南师范大学，湖泊生态学，云南师范大学（呈贡校区），menghan2312@163.com

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

24 基于环境DNA宏条形码技术的雅鲁藏布江鱼类多样性研究

周琳[1]，刘海平[1]*

1. 西南大学，重庆，400715
2. 刘海平，luihappying@163.com

摘要：本研究基于环境DNA（eDNA）技术，调查了雅鲁藏布江中上游流域鱼类的多样性及其空间分布特征，评估鱼类群落的分布现状。于2024年在拉孜、拉萨河交汇处和南伊沟共设置3个采样点，采集水体样本并进行eDNA检测与分析。结果共检测出鱼类102种，隶属12目24科59属，其中以鲤形目最多，达85种，其次为鲇形目。物种相对丰度较高的为纳木错裸鲤、巨须裂腹鱼和拉萨裂腹鱼。三个采样点的共有鱼类35种，占总检测物种的34.3%。优势种包括纳木错裸鲤（Gymnocypris namensis）、巨须裂腹鱼（Schizothorax macropogon）、异齿裂腹鱼、拉萨裂腹鱼（Schizothorax waltoni）等。在空间分布上，拉孜段检测出73种鱼类，隶属8目14科41属，其中特有种8种，优势种为拉萨裂腹鱼、软刺裸鲤和异齿裂腹鱼；拉萨河交汇处检测出79种鱼类，隶属8目16科43属，特有种11种，优势种为纳木错裸鲤和异齿裂腹鱼；南伊沟共检出55种鱼类，隶属5目13科33属，特有种12种，优势种为巨须裂腹鱼、纳木错裸鲤和异齿裂腹鱼。本研究展示了雅江中上游流域鱼类丰富的多样性和明显的空间异质性，为高原河流生态保护和生物资源管理提供了基础数据支持。

关键词：鱼类多样性，环境DNA，雅鲁藏布江

作者简介：周琳（1998-），女，福建龙岩，博士研究生，主要从事高原鱼类环境DNA研究。重庆市北碚区天生路2号，E-mail: zhoulin7646@163.com。

24 Fish Diversity Assessment in the Yarlung Zangbo River Based on Environmental DNA Metabarcoding

Lin Zhou[1] , Haiping Liu[1] *

1. Southwest University, Chongqing, 400715
2. Haiping Liu, luihappying@163.com

Abstract: This study employed environmental DNA (eDNA) metabarcoding technology to investigate fish diversity and spatial distribution patterns in the middle and upper reaches of the Yarlung Zangbo River, aiming to assess the current status of fish communities. In 2024, water samples were collected from three sites: Lazi, the confluence of the Lhasa River, and the Niyigou River. A total of 102 fish species were detected, belonging to 12 orders, 24 families, and 59 genera. Cypriniformes was the most dominant order, comprising 85 species, followed by Siluriformes. The most abundant species included Gymnocypris namensis, Schizothorax macropogon, and Schizothorax waltoni. Thirty-five species were shared among the three sites, accounting for 34.3% of the total detected species. Dominant species included Gymnocypris namensis, Schizothorax macropogon, Schizothorax waltoni, and Schizothorax o'connori. In terms of spatial distribution, 73 species from 8 orders, 14 families, and 41 genera were identified at the Lazi site, with 8 endemic species. Dominant species were Glyptosternum maculatum, Schizothorax waltoni, Schizopygopsis malacanthus, and Schizothorax o'connori. At the confluence of the Lhasa River, 79 species from 8 orders, 16 families, and 43 genera were detected, including 11 endemic species. Dominant species included Gymnocypris namensis, and Schizothorax o'connori. The Niyigou site yielded 55 species from 5 orders, 13 families, and 33 genera, with 12 endemic species. Dominant species were Schizothorax macropogon, Gymnocypris namensis, and Schizothorax o'connori. This study highlights the high fish diversity and pronounced spatial heterogeneity in the middle and upper reaches of the Yarlung Zangbo River, providing essential baseline data for ecological conservation and biological resource management in plateau river systems.

Key words: Fish Diversity, Environmental DNA, Yarlung Zangbo River

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

25 超大城市典型公共场所大气颗粒物抗生素抗性基因分布特征及环境健康风险研究

Distribution Characteristics and Environmental Health Risks of Antibiotic Resistance Genes (ARGs) in PM-Bound Microbes in Typical Public Places of Megacities

赵恺凝[1]，胡双庆[1]*

1 生态环境部新污染物环境健康影响评价重点实验室，上海市环境科学研究院，上海市，200233
*通讯作者邮箱地址：husq@saes.sh.cn

摘要：抗生素抗性基因（antibiotic resistance genes，ARGs）作为一种新污染物，对环境和人体健康存在潜在的威胁。目前关于公共场所内部气载ARGs的研究相对较少。本研究深入探究上海市国家会展中心（NECC）和地铁站内部夏季空调积尘和$PM_{2.5}$中ARGs的种类、分布特征及影响因素，以期获取室内气载ARGs环境健康风险，为城市典型公共场所空气质量管控提供重要科学支撑。结果表明，NECC和地铁站内部单位质量空调积尘和$PM_{2.5}$中ARGs浓度均处于极低水平，整体呈现地铁站$PM_{2.5}$>NECC积尘>地铁站积尘>NECC$PM_{2.5}$变化趋势。两个采样点位ARGs种类具有明显相似性，磺胺类（sul1和sul2）、大环内酯类（erm和mph）和四环素类（tetW）是最显著类型。其中磺胺类浓度最高,地铁站$PM_{2.5}$和NECC积尘平均浓度分别为6.88×104 copies/g（sul2）和1.47×10^4copies/g（sul1）。利用宏基因组测序技术和相关性网络图（Networkx，version1.11）获取了颗粒物中ARGs和微生物群落之间的共现性模式（|r|> 0.50，P < 0.05）。结果表明，25个菌属和14种ARGs之间存在36个显著正相关关系。特别是短波单胞菌属（Brevundimonas）、涅斯特连科氏菌（Nesterenkonia）、霍塔埃亚菌属（Hortaea）分别与21、18和13个ARGs产生连接，可能是重要的ARGs宿主，且大多来源于地铁站$PM_{2.5}$样品中。我们进一步探究了呼吸途径下不同人群ARGs暴露水平，结果表明，成年人在NECC和地铁站内暴露水平极低，但对于儿童和免疫力低下者来说，地铁站内ARGs暴露水平相对较高，最高值达2744.01 copies/kg/d（sul1）。这可能由于NECC站厅面积较大、通风条件良好，但地铁站内人流量较大造成的。因此地铁站内部 ARGs环境健康风险对于特殊人群的影响需要引起重点关注。

关键词：抗生素抗性基因，积尘，$PM_{2.5}$，环境健康风险，宏基因组测序

作者简介：赵恺凝，1992年2月生，女，山东淄博人，博士研究生，工程师，上海市环境科学研究院，环境健康研究所，通讯地址：上海市徐汇区钦州路508号，zhaokn@saes.sh.cn。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

25 Distribution Characteristics and Environmental Health Risks of Antibiotic Resistance Genes (ARGs) in PM-Bound Microbes in Typical Public Places of Megacities

Kaining Zhao[1], Shuangqing Hu[1]*

1.Key Laboratory of Environmental Health Impact Assessment of Emerging Contaminants, Ministry of Ecology and Environment, Shanghai Academy of Environmental Sciences, Shanghai 200233, China
* E-mail address: husq@saes.sh.cn (S. Hu)

Abstract: Antibiotic resistance genes (ARGs), as emerging contaminants, pose potential threats to environment and human health. Currently, the research on airborne ARGs in public indoor environments remains limited. This study comprehensively investigated the types, distribution characteristics, and influencing factors of ARGs in air-conditioning dust and $PM_{2.5}$ from the National Exhibition and Convention Center (NECC) and Metro stations in Shanghai during summer, aiming to assess their environmental health risks and provide scientific support for air quality management in urban public spaces. The results showed that the ARGs concentrations (per unit mass) in both air-conditioning dust and $PM_{2.5}$ were extremely low, with an overall trend of Metro$PM_{2.5}$ > NECCdust > Metrodust > NECC$PM_{2.5}$. The two sampling sites exhibited notable similarities in ARG profiles, with sulfonamides (sul1 and sul2), macrolides (erm and mph), quinolones (qnr), and tetracyclines (tetW) being the most dominant types. Sulfonamide ARGs showed the highest abundances, averaging 6.88×10^4 copies/g (sul2) in Metro$PM_{2.5}$ and 1.47×10^4 copies/g (sul1) in NECCdust. Metagenomic sequencing and co-occurrence network analysis (Networkx, v1.11) revealed 36 significant positive correlations between 25 bacterial genera and 14 ARGs ($|r| > 0.50$, $P < 0.05$). Notably, Brevundimonas, Nesterenkonia, and Hortaea were linked to 21, 18, and 13 ARGs, respectively, suggesting their roles as key potential hosts, primarily identified in metro $PM_{2.5}$ samples. Further investigation into ARGs exposure levels via the inhalation pathway among different population groups revealed significantly lower exposure risks for adults in both NECC and metro station environments. However, children and immunocompromised individuals exhibited relatively higher exposure levels to ARGs within metro stations, with peak values reaching 2744.01 copies/kg/d (sul1). This discrepancy may be attributed to the expansive hall area and superior ventilation conditions of NECC, contrasted with the metro stations' high passenger flow density. Consequently, the environmental health risks posed by ARGs in metro station microenvironments warrant particular attention due to their significant impact on the vulnerable population.

Key words: ARGs, Dust, $PM_{2.5}$, Environmental health risks, Metagenomic sequencing

26 环境DNA解析东江浮游生物时空分异规律及群落构建机制

Environmental DNA reveals spatiotemporal heterogeneity and assembly mechanisms of plankton communities in the Dongjiang River

曾露苹[1,2]，杜宏伟[1]，张宗尧[1]

1. 生态环境部华南环境科学研究所，广州，510535
2. 曾露苹，zengluping@scies.org

摘要：本研究通过环境DNA宏条形码技术，系统探究中国东江流域浮游植物和浮游动物群落的时空动态特征。研究结果显示，浮游植物多样性呈现显著的季节性差异，丰水期多样性水平较枯水期显著升高。相较于河口区，丰水期上游和下游均维持较高的浮游植物多样性。浮游动物群落的时空异质性明显低于浮游植物（多样性季节差异仅12.8%），表明不同营养级生物对环境变化的响应存在显著差异。主坐标分析（PCoA）清晰地区分了河口群落与非河口浮游生物群落（P<0.001），河口样品在空间和季节梯度上均呈现独立聚类特征。群落构建机制分析显示浮游植物群落构建过程存在显著季节转换，丰水期以被动扩散为主导，枯水期则转为环境选择主导；而浮游动物群落全年均呈现确定性构建特征。共现网络分析发现下游生态系统的脆弱性特征：与上游和河口区相比，下游浮游生物的网络显著简化，模块化程度升高（下游0.43-0.61 vs 上游0.17-0.33 vs 河口0.17-0.35），连接度降低（平均度：下游7.41-16.5 vs 上游22.09-35.08 vs 河口18.35-58.97），表明潮汐作用和人为压力导致群落结构退化。通过Aggregated boosted tree (ABT)和随机森林方法识别出关键环境驱动因子包括：水温和溶解氧、氮化合物和有机污染物。本研究为理解亚热带河流浮游生物群落对环境变化的响应机制提供理论参考。

关键词：浮游生物；群落构建；环境DNA；河流生态系统；环境梯度。

作者简介：曾露苹，女，理学博士，生态环境部华南环境科学研究所，流域水生态系统和水环境健康，广东省广州市黄埔区瑞和路18号生态环境部华南环境科学研究所，邮箱地址zengluping@scies.org。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

27 基于RPA-CRISPR/Cas12a一步法的长江江豚环境DNA超灵敏检测

Ultra-sensitive detection for environmental DNA of Neophocaena asiaeorientalis using RPA-CRISPR/Cas12a one-step method

谢沂航[1]，张旭哲[2]，罗斌[1]，钟文军[1]，张效伟[2]，*

1. 南京大学环境学院，南京，210046
2. 云南大学生态与环境学院，昆明，650091
*. 张效伟，zhangxw@ynu.edu.cn

摘要：长江江豚（Neophocaena asiaeorientalis）是长江生态系统健康的关键指示物种，然而受人类活动影响，其种群数量在过去四十年急剧下降。针对目前长江江豚监测方法存在监测效率低、耗时耗力、技术门槛高的问题，本研究提供了一种基于RPA-CRISPR/Cas12a系统快速检测长江江豚环境DNA的方法，用于精准，快速，灵敏，简易地进行长江江豚环境DNA的检测。简单来说，针对江豚线粒体基因组COI片段的序列，设计特异性RPA引物；针对RPA-CRISPR/Cas12a一步法反应检出限高的问题，使用次优PAM替代传统PAM，降低CRISPR反应优先级；通过热力学方法调整Cas12a-crRNA复合物的有效浓度，控制CRISPR反应速度，在降低一步法检测的检出限同时，仍然保持较快的检出速度。本研究提供的RPA-CRISPR/Cas12a一步法检出方法，具有敏感性高、检测快速、简单便捷、无需借助昂贵仪器等特点，可以在30分钟内实现对1copy/μL样品的检测，适用于实验室及现场的江豚环境DNA的快速检出，是RPA和CRISPR/Cas联用技术在环境DNA领域的领先探索，为江豚及其它珍稀濒危物种的现场检测提供一种创新性工具。

Abstract: The Yangtze finless porpoise (Neophocaena asiaeorientalis) is a key indicator species for the health of the Yangtze River ecosystem. However, influenced by human activities, its population has declined dramatically over the past four decades. To address the limitations of current monitoring methods–low efficiency, labor-intensive and time-consuming procedures, and high technical barriers–this study developed a rapid method for detecting Yangtze finless porpoise environmental DNA (eDNA) based on an RPA-CRISPR/Cas12a system, enabling precise, rapid, sensitive, and simple eDNA detection.Specifically, we designed specific RPA primers targeting the COI fragment of the porpoise mitochondrial genome. To overcome the high detection limit associated with the one-step RPA-CRISPR/Cas12a reaction, we employed suboptimal PAM sites instead of conventional ones, thereby reducing the priority of the CRISPR reaction. Furthermore, we adjusted the effective

concentration of the Cas12a-crRNA complex using a thermodynamic approach to control the CRISPR reaction speed. This strategy successfully lowered the detection limit of the one-step assay while maintaining a rapid detection time.The developed one-step RPA-CRISPR/Cas12a detection method offers high sensitivity, rapid detection, simplicity, and convenience, eliminating the need for expensive instrumentation. It achieves detection of samples as low as 1 copy/μL within 30 minutes. Suitable for both laboratory and field settings, this method enables rapid on-site eDNA detection of the finless porpoise. It represents a pioneering exploration of combined RPA and CRISPR/Cas technology in the field of environmental DNA and provides an innovative tool for the on-site detection of the finless porpoise and other rare and endangered species.

关键词：长江江豚，环境DNA，一步法，超灵敏，快速检测

作者简介：谢沂航，男，南京大学环境学院硕士研究生在读，研究方向为RPA-CRISPR/Cas12a在环境DNA领域的应用，邮箱地址njuyyt@qq.com

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

28 关于F-53B的生物积累、毒性效应及作用机制的研究

Research on Bioaccumulation, Toxic Effects and Mechanism of F-53B on Organisms

李迪[1]，范文宏[1]，王兴[2]，杨艳[2]，李晓敏[1]，王颖[1],*

1. 北京航空航天大学材料科学与工程学院，北京，100191
2. 通讯作者，邮箱地址：yingw@buaa.edu.cn

摘要：氯化多氟醚磺酸盐(6:2 chlorinated polyfluorinated ether sulfonate，商品名：F-53B)作为全氟辛烷磺酸(perfluorooctane sulfonate，PFOS)的替代物，因其在工业应用中的广泛使用而受到关注。随着对该物质环境污染及其生物毒性的研究逐渐深入，越来越多的证据表明，F-53B可能对生态系统和人类健康构成潜在风险。本研究综述了F-53B在不同生物体内的吸收与积累，包括水生生物、陆生生物及人体，以及F-53B在生物体内的代谢转化和其对生物的毒性效应及其作用机制。结果表明，F-53B在不同生物体内的检出浓度呈现出显著的差异，且由于其亲脂性，易富集于肝脏、肾脏这类富含脂肪酸结合蛋白的器官，并在不同食物链中表现出不同程度的生物富集和放大效应。F-53B可在生物体内代谢为6:2 H-PFESA，涉及厌氧微生物还原脱氯、谷胱甘肽转移酶及硝酸盐还原酶的作用，但其转化效率较低。F-53B对生物体肝脏、肠道、心脏等器官具有显著的毒性效应，其作用机制主要为干扰内分泌、诱导氧化应激、诱导基因毒性和抑制免疫系统等。进一步地，本研究拟通过在水体中不同温度下对斑马鱼胚胎和幼鱼进行F-53B急性毒性暴露，利用LC-MS/MS测定斑马鱼幼鱼体内的F-53B积累量，以探究温度对F-53B的斑马鱼胚胎及幼鱼急性毒性效应影响及其机制。本研究总结了F-53B的生物积累、毒性效应及其作用机制，并指出当前研究的局限性，强调了进一步深入研究该化合物毒性效应和作用机制的必要性，以评估其对生态安全和公共健康的潜在威胁。

关键词：F-53B；生物积累；毒性效应；作用机制

作者简介：李迪，2001年6月生，男，山西省朔州市，本科学历学士学位，学生，北京航空航天大学，新污染物生态毒理学，18034906888@buaa.edu.cn。

29 深圳湖库入侵鱼类及有害蓝藻水华的eDNA-形态学协同监测实践

Coordinated eDNA and Morphological Monitoring of Invasive Fish Species and Harmful Cyanobacterial Blooms in Shenzhen’s Lakes and Reservoirs

陶益[1,2]

1. 清华大学深圳国际研究生院环境与生态研究院，深圳，518055
2. 陶益，tao.yi@sz.tsinghua.edu.cn

摘要：水库藻类群落的精准监测对水质管理与生态健康评估至关重要。传统形态学鉴定不仅耗时耗力，还易受分类专家主观性和形态可塑性的影响。环境DNA（eDNA）宏条形码技术为水生生物多样性研究提供了高效、科学的途径。2023年7月和2024年1月以深圳市SK水库为对象，设置6个采样点分3层取样，应用eDNA宏条形码（16SV4与18SV4）与传统形态学方法对浮游植物群落特征进行了对比分析。研究结果表明：（1）与形态学鉴定结果相比，eDNA技术能够检测到更多的浮游植物种类，且16S rRNA基因检出真核藻类多样性显著高于18S rRNA基因的原核藻类；（2）不同水深的藻类多样性差异性不显著；（3）eDNA技术在浮游植物群落结构及与环境因子的相关性分析中，所得结果均与形态学方法相似。本研究将eDNA宏条形码技术与传统形态学方法进行了系统比较与互证，结果证实了eDNA技术是一种高效、灵敏的藻类群落监测工具，尤其适用于快速评估生物多样性。两种方法的结合应用提供了更全面、更可靠的藻类群落信息。

关键词：环境DNA（eDNA）；形态学鉴定；生物多样性监测；浮游植物

作者简介：陶益，博士，清华大学长聘副教授，博士生导师，清华大学深圳国际研究生院党委委员。担任中国环境科学学会水处理与回用专业委员会委员，中国毒理学会环境与生态毒理学专业委员会委员，深圳市生态修复与固碳增汇重点实验室副主任，清华大学-昆明滇池高原湖泊联合研究中心副主任，深圳市海外高层次人才。获得国家、广东省和深圳市科研项目资助，发表论文百余篇，授权发明专利5项，编制标准3项，曾获水利部大禹水利科学技术奖、广东省水利学会水利科学技术奖一等奖等奖励。

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

29 Coordinated eDNA and Morphological Monitoring of Invasive Fish Species and Harmful Cyanobacterial Blooms in Shenzhen’s Lakes and Reservoirs

Tao Yi[1,2]

1. Institute of Environment and Ecology, Tsinghua Shenzhen International Graduate School, Shenzhen 518055, China
2.Tao Yi, tao.yi@sz.tsinghua.edu.cn

Abstract: Accurate monitoring of reservoir algal communities is essential for water quality management and ecological health assessment. Traditional morphological methods are time-consuming and labor-intensive, and is susceptible to the subjectivity of taxonomic experts and the morphological plasticity of organisms. Environmental DNA (eDNA) metabarcoding offers an efficient and scientific approach for investigating aquatic biodiversity. In this study, six sampling stations were established across SY Reservoir in Shenzhen, with samples collected at three different depths during July 2023 and January 2024. eDNA metabarcoding (16S V4 and 18S V4) and traditional morphological methods were applied to comparatively analyze phytoplankton community characteristics. The results showed that: (1) compared with morphological identification, eDNA technology detected more phytoplankton taxa, and the diversity of eukaryotic algae detected by the 16S rRNA gene was significantly higher than that of prokaryotic algae detected by the 18S rRNA gene; (2) algal diversity showed no significant differences among different water depths; and (3) in the analysis of phytoplankton community structure and its relationship with environmental factors, eDNA technology produced results similar to those of morphological methods. This study systematically compared and cross-validated eDNA metabarcoding and traditional morphological identification, confirming that eDNA technology is an efficient and sensitive tool for algal community monitoring, particularly suitable for rapid biodiversity assessment. The combined application of the two methods provides more comprehensive and reliable information on algal communities.

Keywords: Environmental DNA (eDNA); morphological identification; biodiversity monitoring; phytoplankton

捌

壁报海报

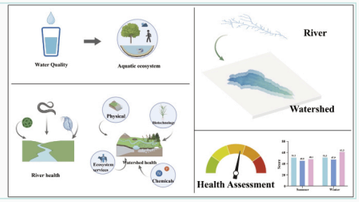
基于河流-流域多尺度的生态健康评估：以窟野河为例

姜涛[1]，詹怡然[1]，王立新*
内蒙古大学生态与环境学院，呼和浩特，010021

Introduction

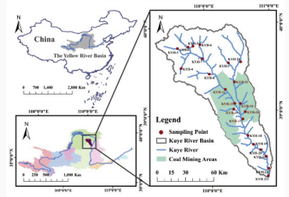
河流生态系统在人类社会和自然界中发挥着不可替代的功能，如提供淡水资源、支撑农业和渔业发展、调节洪水，为众多水生和陆生生物提供栖息地,是全球物质循环的载体(Thorp et al., 2010)。近几十年来，人类活动伴随着经济快速发展逐渐加剧，一旦这些活动超出河流系统自身负反馈调节能力，河流健康就会受到损害。因此维护河流健康，对目标河流进行科学管理是近几十年的热点问题(Luo et al., 2018)。

目前的研究忽视了河流及河滨带的相互作用，河滨带是河流与陆地生态系统之间的接口，是能源、无机和有机及生物群落的关键交流的基础(Singh et al., 2021a)，它作为生态工程师，通过一些列的生态功能来改善整个流域的健康状态(Singh et al., 2021b)。因此，未来河湖健康的研究趋势应该是基于河流—流域多尺度的。本文将河流—流域健康状态分开讨论，同时在整个流域的健康状态中融合了河滨带的特征，建立了基于湿地完整性指数的流域健康评价指标体系，以新的模式对窟野河流域的健康状态进行深入了解并提出针对性的科学管理措施。



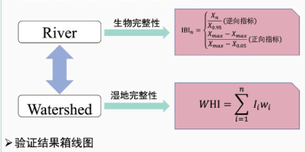
Methods

窟野河发源于中国内蒙古自治区鄂尔多斯市，河流自西北向东南流，最终在陕西省神木市汇入黄河。该水系干流全长242km，流域面积8706km^2，属黄河中游一级支流，是构成黄河中游地表径流重要的组成部分。流域内煤炭资源富集，使得窟野河成为“经济高产型”河流。煤炭工业的快速发展影响了整个地表—地下水系统，经济发展与水资源的消耗、污染之间的冲突明显。

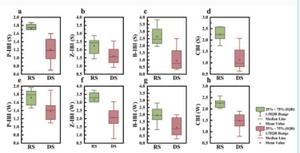


河流评价体系：根据浮游植物、浮游动物、大型无脊椎底栖动物三种水生生物类群的群落丰富度、个体密度、耐污能力、营养结构及多样性指数等方面(Hu et al., 2022; You et al., 2021; Zhu et al., 2021b)，遴选出对环境变化敏感的候选指标（P-IBI 21 项、 Z-IBI 21 项，B-IBI 29 项） 构建水生生物完整性评价体系。将三种水生生物完整性指数加权得到综合生物完整性指数。

流域评价体系：将河滨带的特征融入评价标准，以湿地完整性为基础建立适合窟野河流域的评价指标体系，包括生物完整性、物理完整性、化学完整性3个准则层，结合湿地的生态系统服务功能19个指标计算流域健康指数。

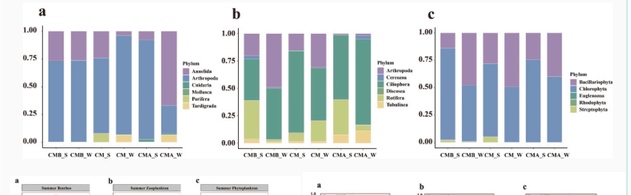


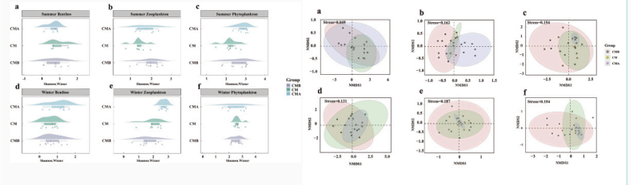
➢验证结果箱线图



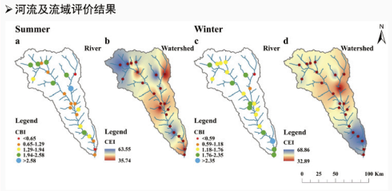
Results

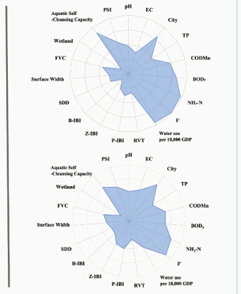
➢物种组成及多样性





➢河流及流域评价结果





将窟野河流域以河流流向分为三个区域：河流进入矿区之前、矿区内、河流在矿区流出后。并按三个区域进行了对比分析了三种群落组成、Alpha多样性、Beta多样性分析、以及河流及流域的健康状态分析如图所示。

Conclusions

➢窟野河流域浮游植物、浮游动物和大型底栖生物的多样性和空间分布存在显著的时空异质性。冬季的多样性指数显著高于夏季的多样性指数，矿区地区内的生物质量远低于河流流入矿区前和流出矿区后的地区生物质量。

➢综合生物完整性指数CBI计算结果显示，窟野河河流的健康状态呈现出显著的时空异质性。冬季河流健康状态显著优于夏季河流健康状态，矿区地区的河流状态显著低于其他地区的河流状态。两个季节均处于亚健康状态。

➢基于湿地完整性的流域健康状态WHI评估结果显示，窟野河流域健康状态存在显著的时空异质性，冬季流域的健康状态要优于夏季流域的健康状态。矿区的健康状态显著低于其他地区。窟野河流域冬季整体状态虽然优于夏季，但两个季节均处于亚健康状态。

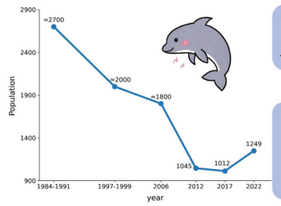
第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

Ultrasensitive detection for environmental DNA of *Neophocaena asiaeorientalis* using RPA-CRISPR/Cas12a one-step method

Yihang Xie[1], Xuzhe Zhang[2], Bin Luo[1], Wenjun Zhong[1], Xiaowei Zhang[2,*]
1.School of the Environment, Nanjing University
2. School of Ecology and Environment Science, Yunnan University

Background

The Yangtze finless porpoise serves as a key indicator species for the health of the Yangtze River ecosystem.



Sharp decline:63% decline during 1984-2017, showing the emergency of protection

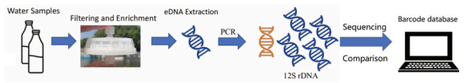
Measured recovery: 25% population increase during 2017-2022, demonstrating the effect of the Yangtze Conservation Initiative.

Current monitoring methods for the Yangtze finless porpoise are relatively inefficient and resource-intensive



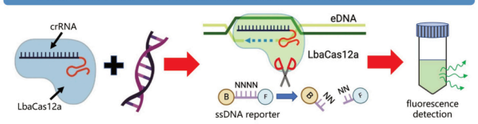
- Low efficiency
- Weather-dependent
- Expensive
- Time-costing
- Limited coverage

With long analysis time and specialized equipment required, eDNA metabarcoding is not suitable for on-site testing



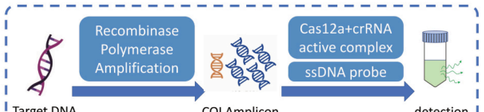
- Analysis time cycle: 15-30 days
- Professional lab staff needed
- Expensive equippments
- Complicated database

CRISPR-Cas technology enables efficient, accurate, and sensitive on-site identification of eDNA molecules



Cas12a-crRNA active complex specifically recognizes target DNA sequences, activates its **trans-cleavage** activity to non-specifically degrade ssDNA molecular probes, thereby **converting** species-specific DNA molecular signals into detectable fluorescent signals. Under ambient temperature conditions, signal can be detected within **minutes**, enabling **single-nucleotide analysis** of DNA.

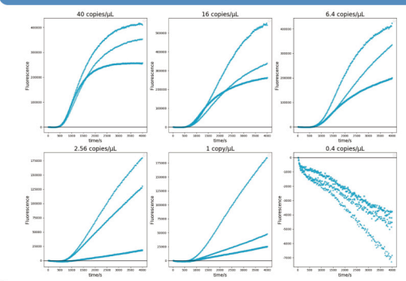
Roadmap



RPA-CRISPR/Cas12a one-step system

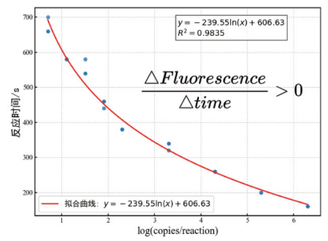
Results

Design of RPA-Cas12a System and Reference Material Validation for *Neophocaena asiaeorientalis*



RPA-Cas12a one-pot system achieves precise detection of target DNA molecules at concentrations as low as **1 copy/μL within 30 minutes**, demonstrating its broad application potential.

Standard curve of RPA-Cas12a System for *Neophocaena asiaeorientalis*



Suitable for both laboratory and field settings, this method enables rapid on-site eDNA detection of the finless porpoise. It represents a pioneering exploration of combined RPA and CRISPR/Cas technology in the field of environmental DNA and provides an innovative tool for the on-site detection of the finless porpoise and other rare and endangered species.

Coral Reef Fish Diversity in the South China Sea: A Dual-Method Study Using Environmental DNA Metabarcoding and Underwater Photography

Mingjie Li[1], Cong Zeng[2], Ling Cao[1,*]
1. State Key Laboratory of Marine Environmental Science, College of Ocean and Earth Sciences, Xiamen University, Xiang'an South Road, Xiang'an District, Xiamen 361102, China
2. School of Oceanography, Shanghai Jiao Tong University, 1954 Huashan Road, Shanghai 200030, China
* Corresponding author: Ling Cao, caoling@xmu.edu.cn.

Abstract

To systematically evaluate the structure of coral reef fish communities in the South China Sea (SCS) and assess the detection capabilities and complementarity of different survey methods, this study conducted a comparative investigation using underwater photography and environmental DNA (eDNA) metabarcoding across 17 coral reef sites in the northern, central, and southern SCS between 2022 and 2024. At each site, underwater photography involved filming two 50-meter transect videos, identifying a total of 87 fish species belonging to 52 genera, 23 families, and 12 orders, with a cumulative count of 3,064 individual fish. Concurrently, the eDNA method involved collecting 20 liters of seawater per site. Following amplification using MiFish-U primers and high-throughput sequencing, a total of 303 fish species belonging to 173 genera, 66 families, and 32 orders were annotated, corresponding to 2,977 molecular operational taxonomic units (MOTUs). Despite differences in detection results, both methods consistently revealed the southern SCS as a hotspot for coral reef fish diversity. Overall, eDNA demonstrated distinct advantages in terms of species detection range and sensitivity, while underwater photography provided more direct confirmation of species morphology. The two methods exhibited strong complementarity in taxon detection, and their combined application significantly enhanced the assessment capacity for coral reef fish diversity. This research provides empirical support for multi-method ecological monitoring in tropical marine environments and offers a critical data foundation and technical framework for the conservation and management of the South China Sea ecosystem.

Materials & Methods

Between 2022 and 2024, we conducted surveys at 17 reef sites distributed across the SCS (Fig. 1). These included four sites in the northern SCS (NSCS: Nanpeng and Miaowan Island), four sites in the central SCS (CSCS: Xisha and Zhongsha Islands), and nine sites in the southern SCS (SSCS: Nansha Islands). At each site, sampling comprised two components: (1) underwater photographic surveys for fish community censuses along two parallel 50-meter transects to identify species and count individuals.; (2) seawater samples (20 L per site) were collected for eDNA analysis, followed by PCR amplification and sequencing targeting the mitochondrial 12S rRNA gene region using MiFish-U primers.

Results

(1) Taxonomic distribution of SCS coral reef fish

Photographic surveys documented 87 fish species (3,064 individuals), belonging to 12 orders, 23 families, and 52 genera. In the northern SCS, the group Eupercaria incertae sedis dominated absolutely (accounting for 85.33% of abundance). In contrast, the central and southern SCS were primarily dominated by Ovalentaria incertae sedis (comprising 33.48% and 43.25% of abundance, respectively). eDNA metabarcoding annotated 303 fish species (represented by 2,977 molecular operational taxonomic units, MOTUs), belonging to 32 orders, 66 families, and 173 genera. The order Beloniformes exhibited the highest relative abundance in the northern SCS (29.26%). The central SCS was dominated by Eupercaria incertae sedis (29.05%), while the order Perciformes predominated in the southern SCS (35.99%).

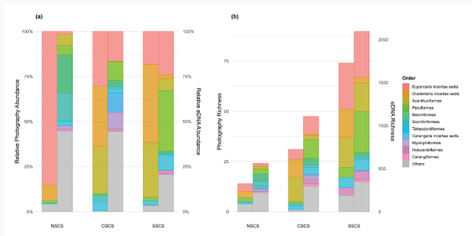


Fig. 1. SCS reef fish composition: (a) eDNA and photography relative abundance; (b) eDNA richness and photography richness.

(2) Comparison of alpha-diversity

Both photography and eDNA data show that the SSCS exhibited the highest α-diversity indices across all metrics.

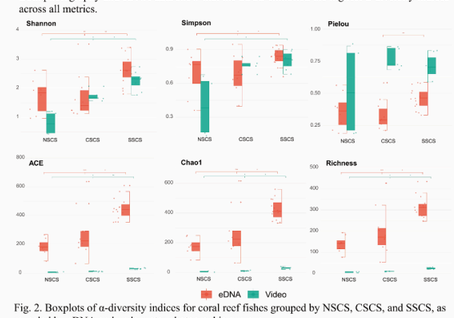


Fig. 2. Boxplots of α-diversity indices for coral reef fishes grouped by NSCS, CSCS, and SSCS, as revealed by eDNA and underwater photographic surveys.

(3) Species Overlap Among SCS Coral Reef Regions

Both photography and eDNA data show that the SSCS exhibited the highest fish richness and the highest proportion of region-specific taxa: photographic surveys detected 75 species there (with region-specific species accounting for 65.3% of the total detected in the south), and eDNA detected 2,249 MOTUs (with region-specific MOTUs accounting for 71.8% of the total detected in the south).



Fig. 3. Venn Diagram of Shared MOTUs or Fish Species in the South China Sea.

Conclusions

This study demonstrates that combining eDNA metabarcoding and underwater photography overcomes key limitations of single-method surveys. eDNA effectively detects hidden diversity, while photography provides verifiable species confirmation. Together, they offer a more accurate picture of complex reef communities. This integrated approach confirms the southern South China Sea as a critical biodiversity hotspot. Beyond better species lists, this combined method delivers essential data for conservation planning. Our validation across different reef areas provides clear evidence supporting targeted protection for the ecologically unique southern SCS reefs.

Acknowledgements

This work was supported by National Key Research and Development Program of China (No. 2022-24). We gratefully acknowledge Hongqiang Yang, Shurong Liu and Chengxuan Zou for their essential support during field sampling.

会议手册 Conference Handbook

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

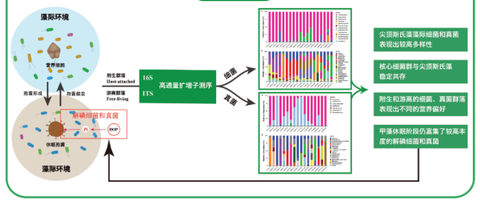
甲藻生活史转换与藻际细菌、真菌多样性及其功能的动态互作

岳彩霞[1,2,+]，柴召阳[1,3,+]，李凤婷[1,3]，尚丽霞[1,3]，胡章喜[4]，邓蕴彦[1,3,*]，唐赢中[1,3,*]

[1]中国科学院海洋生态与环境重点实验室 中国科学院海洋研究所 青岛 266071；[2] 南京海关动植物与食品检测中心 南京 210019
[3] 青岛海洋科技中心 海洋生态与环境科学功能实验室 青岛 266237；[4]广东海洋大学 水产学院水产养殖系 湛江 524088

摘要

近几十年来，海洋有害藻华在世界范围内频繁暴发，且发生频次、范围和持续时间呈现明显的上升趋势。甲藻在全球范围内广泛引发有害藻华的原因种中占44%，所有海洋微藻藻华事件中约75%由甲藻引发。某些甲藻种类在其生活史的特殊阶段可以形成休眠孢囊，对甲藻有害藻华发生和地理扩散具有重要意义。近年来，随着藻际环境微生物多样性研究数据的积累，藻际微生物作为一类“生物因素” 与有害藻华种类的互作关系及其在有害藻华动力学过程中潜在的调控作用逐渐被学者重视。然而，休眠孢囊作为甲藻生活史中的休眠阶段，其藻际环境中微生物组成、群落结构等基本信息尚未见报道。基于此，本研究选用尖顶斯氏藻 (*Scrippsiella acuminata = S. trochoidea*，锥状斯氏藻)作为产孢囊甲藻的代表种类，通过16S rRNA和ITS 高通量扩增子测序，首次系统比较了甲藻不同生活史阶段藻际细菌-真菌群落的种类组成差异，分析了藻际细-真菌群落的功能性相互作用，并进一步探讨了微生物群落在孢囊休眠维持中的潜在作用。



引言

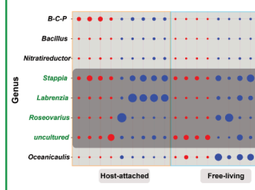
近几十年来，海洋有害藻华在世界范围内频繁暴发，且发生频次、范围和持续时间呈现明显的上升趋势。甲藻在全球范围内广泛引发有害藻华的原因种中占44%，所有海洋微藻藻华事件中约75%由甲藻引发。某些甲藻种类在其生活史的特殊阶段可以形成休眠孢囊，对甲藻有害藻华发生和地理扩散具有重要意义。近年来，随着藻际环境微生物多样性研究数据的积累，藻际微生物作为一类“生物因素” 与有害藻华种类的互作关系及其在有害藻华动力学过程中潜在的调控作用逐渐被学者重视。然而，休眠孢囊作为甲藻生活史中的休眠阶段，其藻际环境中微生物组成、群落结构等基本信息尚未见报道。基于此，本研究选用尖顶斯氏藻 (*Scrippsiella acuminata = S. trochoidea*，锥状斯氏藻)作为产孢囊甲藻的代表种类，通过16S rRNA和ITS 高通量扩增子测序，首次系统比较了甲藻不同生活史阶段藻际细菌-真菌群落的种类组成差异，分析了藻际细-真菌群落的功能性相互作用，并进一步探讨了微生物群落在孢囊休眠维持中的潜在作用。

材料方法

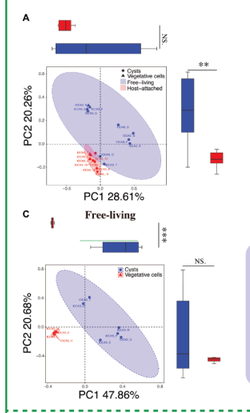
不同生活史阶段样品处理条件

Sample Name	Association with *Scrippsiella acuminata* Cells	Life Cycle Stage	Temperature	Incubation Time
V7T15-A	Host-attached	Vegetative cells	15 °C	7 d
V20T15-A	Host-attached	Vegetative cells	15 °C	20 d
V7T21-A	Host-attached	Vegetative cells	21 °C	7 d
V20T21-A	Host-attached	Vegetative cells	21 °C	20 d
C30T4-A	Host-attached	Cysts	4 °C	30 d
C45T4-A	Host-attached	Cysts	4 °C	45 d
C30T15-A	Host-attached	Cysts	15 °C	30 d
C45T15-A	Host-attached	Cysts	15 °C	45 d
C30T21-A	Host-attached	Cysts	21 °C	30 d
C45T21-A	Host-attached	Cysts	21 °C	45 d
V7T15-FL	Free-living	Vegetative cells	15 °C	7 d
V20T15-FL	Free-living	Vegetative cells	15 °C	20 d
V7T21-FL	Free-living	Vegetative cells	21 °C	7 d
V20T21-FL	Free-living	Vegetative cells	21 °C	20 d
C30T4-FL	Free-living	Cysts	4 °C	30 d
C45T4-FL	Free-living	Cysts	4 °C	45 d
C30T15-FL	Free-living	Cysts	15 °C	30 d
C45T15-FL	Free-living	Cysts	15 °C	45 d
C30T21-FL	Free-living	Cysts	21 °C	30 d
C45T21-FL	Free-living	Cysts	21 °C	45 d

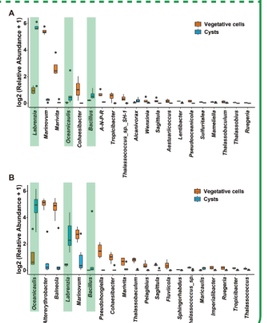
主要结论



鉴定出三个核心细菌属（*Stappia*、*Labrenzia*和*Roseovarius*），占总丰度的46.4%。它们在所有样本中与尖顶斯氏藻稳定共存，均为混合营养细菌，且可以利用多种类型有机物，具有多样的代谢能力。未鉴定出核心真菌属。



主坐标分析（PCoA）显示附生（host-attached）和游离（free-living）的细菌群落结构存在差异。附生群落中丰度更高的细菌、真菌属，多为经类降解菌，具有较强的碳代谢能力；而游离群落中丰度更高的细菌、真菌属，则多分离自寡营养环境，具有多样的代谢能力及替代碳源或能量储备策略，在寡营养条件下表现出较强竞争力。



绝大多数丰度呈现显著差异的细菌、真菌表现为在营养细胞中丰度更高。休眠孢囊藻际微生物群落的多样性较低，但是仍富集了更高丰度的具有解磷能力的细菌、真菌，它们具有强的磷转化能力，可以将不能被浮游植物直接利用的磷转化为可直接利用的无机磷酸盐，推测较高丰度的具有磷转化能力细菌、真菌可以提高培养基中磷的可利用率，从而更好的满足休眠期间甲藻对磷的需求：有助于休眠状态的维持。

Yue, C.X., Chai, Z.Y., Li, F.T., Shang, L.X., Hu, Z.X., Deng, Y.Y., Tang, Y.Z. Transitions of the Bacteria-Fungi Microbiomes Associated with Different Life Cycle Stages of Dinoflagellate Scrippsiella acuminata. *Microorganisms* 2025, 13, 1340.

整合水生eDNA与遥感优化水陆耦合生态安全格局
——以东江流域为例

莫小璇[1]，孙学超[1] ，吴申浩[2]，徐颂军

1. 华南师范大学，广州510631
2. 深圳市环境科学研究院，深圳 518000
3. 徐颂军，xusj@ scnu. edu. cn

Abstract

Under the dual pressures of global biodiversity loss and rapid urbanization, traditional ecological security pattern (ESP) construction methods have predominantly focused on terrestrial ecosystems while neglecting aquatic ecological data. This study proposes an innovative framework that integrates environmental DNA (eDNA) metabarcoding technology and Sentinel-2 remote sensing data to construct a land-water synergistic ESP, using China's Dongjiang River Basin as a case study. Two models were compared: Model 1 identified terrestrial ecological sources solely based on the VEST model, while Model 2 incorporated fish diversity data and 15 vegetation indices on top of Model 1, utilizing a random forest classifier to predict species distributions and delineate river ecological source areas.Both models subsequently integrated PCA-weighted environmental and human activity factors to construct a landscape resistance surface. Key ecological corridors were identified using circuit theory and the LinkageMapper tool, with network connectivity and robustness evaluated through graph theory analysis. The results demonstrated that Model 2 significantly outperformed Model 1, identifying 109 habitat patches (an increase of 46 compared to Model 1) and 263 corridors (versus 143 in Model 1), forming a denser and more interconnected ecological network. This network effectively enhanced the connectivity of marginal habitats and exhibited greater robustness when simulating habitat loss. However, the study was limited by the absence of key environmental variables (e.g., water temperature, turbidity) and the spatiotemporal scope of eDNA sampling. Future research should integrate multi-source hydrological data, conduct multi-season eDNA monitoring, and refine modeling methods to improve the precision of biodiversity conservation and ecological network planning.

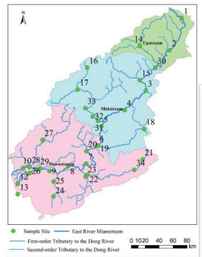
引言

全球生物多样性正面临栖息地破碎化与污染扩散的双重威胁，淡水生态系统尤为突出。东江流域作为珠江三大水系之一，因土地利用变化、水资源开发和外来物种入侵，生态系统遭受破坏，物种数量锐减。构建流域尺度的生态安全格局（ESP）以连接孤立栖息地、保障生态过程的延续成为迫切需求。然而，传统基于InVEST模型的生态源地识别缺乏对河流与湖泊系统的精确描述。环境DNA（eDNA）宏条形码技术的兴起，为无创、高效获取水域生物多样性信息提供了新途径，但其空间覆盖有限。遥感（RS）技术则可在大尺度上获取环境变量，但缺乏物种层面的检测能力。两者的融合，有望实现高分辨率物种信息与大尺度环境数据的互补，提升生态安全格局构建的精度与适应性。基于此，本文以东江流域为例，提出一种融合eDNA与遥感数据的“源地-阻力面-廊道”生态安全格局构建框架，系统评估该整合策略对生态廊道连通性与网络韧性的优化效果，为流域生物多样性保护与生态网络规划提供科学支撑。

材料与方法

eDNA鱼类生物多样性数据来源

点位布设

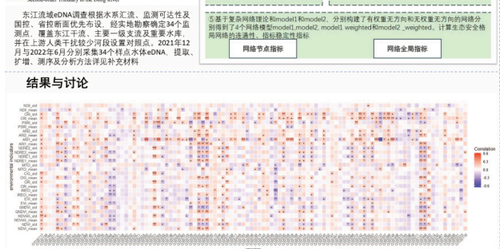


东江流域eDNA调查根据水系汇流、监测可达性及国控、省控断面优先布设，经实地勘察确定34个监测点，覆盖东江干流、主要一级支流及重要水库。并在上游人类干扰较少河段设置对照点。2021年12月与2022年6月分别采集34个样点水体eDNA，提取、扩增、测序及分析方法详见补充材料

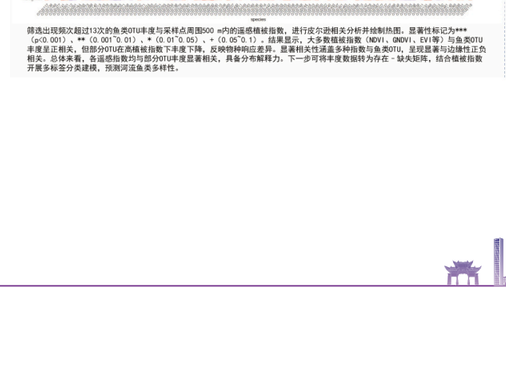
生态安全格局构建数据来源

Dataset	Source	Purpose
降雨量	国家地球系统科学数据中心的1901-2023年中国1km分辨率逐月降水量数据集	产水量模块、水土流失模块
潜在蒸散发	modis	产水量模块、水土流失模块
土壤类型	Harmonized World Soil Database, HWSD 2.0版（1145, 2023）	产水量模块、水土流失模块
土地利用类型	武汉大学	产水量模块、水土流失模块、碳储量模块、生境质量模块
DEM数据	地理空间数据云	产水量模块、水土流失模块
道路数据	Open Street Map	阻力面构建
地质数据	谷歌地球引擎	机器学习构建生物多样性模型

技术路线与模型方法

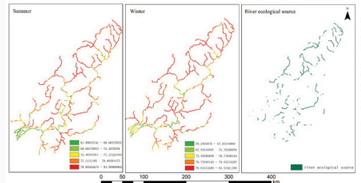


结果与讨论



筛选出现频次超过13次的鱼类OTU丰度与采样点周围500 m内的遥感模拟指数，进行皮尔逊相关分析并绘制热图。显著性标记为***（p<0.001）、**（0.001~0.01）、*（0.01~0.05）、+（0.05~0.1）。结果显示，大多数模拟指数（NDVI、GNDVI、EVI等）与鱼类OTU丰度呈正相关，但部分OTU在高植被指数下丰度下降。反映物种响应差异。显著相关性涵盖多种指数与鱼类OTU，呈现显著与边缘性正负相关。总体来看，各遥感指数均与部分OTU丰度显著相关，具备分布解释力。下一步可将丰度数据转为存在－缺失矩阵，结合植被指数开展多标签分类建模，预测河流鱼类多样性。

基于随机森林模型进行鱼类物种多样性的预测结果及河流生态源地

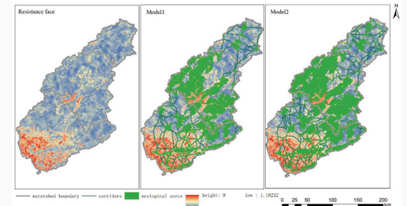


用筛选后的随机森林模型对河流沿岸500米内的区域进行预测，得到如下鱼类生物多样性分布图。

图中summer和winter图分别展示了东江鱼类生物多样性分布状况。基于自然断点法，将鱼类生物多样性分为了5类。

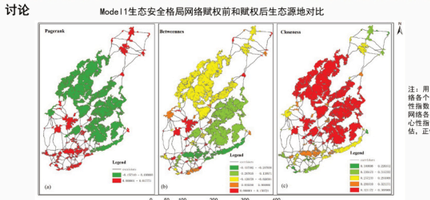
取夏季和冬季的最高一类的红色区域，做交集之后所得的区域为本研究的河流生态源地。

生态安全格局网络构建
(阻力面和生态安全格局网络)



Model1基于InVEST工具识别陆域生态源地构建生态安全格局，Model2在此基础上加入eDNA与遥感识别的河流生态源地。两模型在源地与廊道识别结果上差异显著： Model1识别源地63处，集中于上中游连片森林； Model2增加至109处，多为沿河零散斑块，分布更广。生态廊道方面， Model1提取143条（总长1360 km，均长9.5 km）， Model2则增至263条（总长1735 km，均长7.5 km），形成更密集的生态连接网络，尤其强化了局地连通性。 Model1廊道多连接核心源地，而Model2显著提升了边缘源地的连接度，如源地81连接24条廊道，远超Model1的14条。尽管Model2亦有个别单点连接节点（如源地66），整体网络连通性仍优于Model1 。两模型均识别出超45 km的长廊道，但Model2短廊道比例更高，有助于中下游生态斑块整合。综上，模型2在源地识别、廊道密度与连通性方面均优于Model1 ，为更高效的生态安全格局构建提供支持。

讨论



注：用赋权前的网络各个节点的中心性指数减去赋权后网络各个节点的中心性指，负值为低估，正值为高估。

在用复杂网络模型评估生态安全格局网络性能时，需为节点和边赋予权重。现有研究多采用无向无权网络，忽视景观斑块面积和廊道通达性差异，虽适用于一般生态连接性评估，但缺乏加权与非加权网络的鲁棒性对比，而这一对比对生态学解释至关重要。与非加权模型对比，在加权模型中，节点重要性会调整，如中介中心性可能降低，纠正了非加权模型高估小斑块或远距离廊道作用的问题。生态学上，非加权模型忽视了大斑块对物种维持的更大贡献及长廊道对生物迁徙的阻碍，可能导致偏差。非加权模型可能高估小斑块或低估远距离连接的影响，而加权模型通过权重分配更真实地反映生态功能。

结论

本研究构建了一个创新性的生态安全格局框架，首次通过环境DNA（eDNA）与遥感数据的深度整合，将河流沿岸源地纳入网络，并基于加权复杂网络理论与物种共现关系对网络性能进行评估。与仅依赖InVEST模型的无权网络相比，该框架在连通度、网络效率等关键指标上表现更优，提升了生态网络的稳健性。

主要创新：①eDNA与高分辨率遥感深度融合，精细识别河流生态源地，完善空间基础；②引入节点与边权重，纠正无权网络对关键斑块重要性低估；③在东江流域应用，提出上游限开发、中游优化网络、下游建设绿道缓冲带的分区管理策略。

局限性：模型未纳入水文因子与人文扰动，eDNA采样存在时空偏差，物种共现关系尚未显式体现。未来应融合多时相eDNA与遥感数据，丰富环境与社会经济变量，采用JSDM与图神经网络优化物种预测与源－汇网络动态评估。

会议手册 Conference Handbook

第六届“环境DNA与生态健康评估”学术研讨会暨第一届“水生态系统完整性”学术研讨会

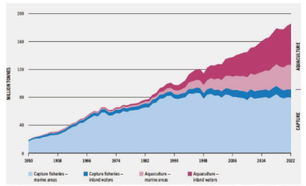
eDNA/RNA Metabarcoding: Noninvasive Insights into Marine Fish Monitoring and Assessment

Peiyuan Ye, Jinping Cheng*

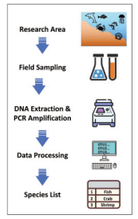
The Education University of Hong Kong

The Importance of Marine Fishery Monitoring and Assessment

- **Marine fisheries supply ~85% of global captures (~80 Mt/year) but face threats from overfishing, habitat loss, climate change, and invasive species.**
- **Need for ecosystem-based management supported by robust, noninvasive monitoring.**
- **eDNA/eRNA metabarcoding detects species from water or sediment via high-throughput sequencing — noninvasive, sensitive, and multi-species capable.**



World fisheries and aquaculture production of aquatic animals. FAO. 2024.





From Sample to Data: Workflow of eDNA Metabarcoding

- **Sampling** – Water (active/passive), sediment, air
- **DNA/RNA Extraction**
- **PCR Amplification** – Universal or species-specific primers (12S rRNA, COI, Cytb)
- **Library Preparation & Sequencing**
- **Bioinformatics & Database Matching** – MitoFish, BOLD, GenBank
- **Ecological Interpretation**

Applications of eDNA Metabarcoding

Biodiversity Assessment	*Migration & Feeding behavior*	*Biomass Estimation*	*Population Genetics*	*Rare & Invasive Species Detection*	*Food Web Analysis*
Detects more species than trawling in some studies	Seasonal & vertical migration mapping	qPCR correlations with abundance	Haplotype & SNP analysis without capture	Early warning for conservation	Multi-trophic insights from one sample



Global Research Priorities in Marine Fish eDNA/eRNA Monitoring

(Based on 2023–2024 global study distribution)

- **Fill geographic gaps:** Prioritize under-sampled hotspots (Coral Triangle, Southern Ocean).
- **Broaden taxonomic focus:** Expand to underrepresented groups (e.g., Chondrichthyes).
- **Integrate methods:** Combine eDNA (diversity mapping) with eRNA (activity detection).
- **Build global networks:** Standardize protocols and expand shared reference databases.
- **Enhance temporal monitoring** – Establish long-term, seasonal, and event-based sampling.

Reference

Peiyuan Ye, Jinping Cheng*, Linus Shing Him Lo et al.,Environmental DNA/RNA metabarcoding for noninvasive and comprehensive monitoring and assessment of marine fishes,Marine Pollution Bulletin,Volume 211,2025,117422,ISSN 0025-326X.

eDNA-based insights into the diversity, spatiotemporal patterns, and ecological drivers of elasmobranchs in coastal Guangdong.

Yixuan Tang, Zifang Liu, Zhenye Cai, Yuan Zhang

Guangdong Provincial Key Laboratory of Water Quality Improvement and Ecological Restoration for Watersheds, School of Ecology, Environment and Resources, Guangdong University of Technology, Guangzhou, 510006, China

Abstract

The coastal waters of Guangdong, southern China, represent a global hotspot of marine biodiversity, supporting numerous threatened large marine vertebrates, particularly elasmobranchs such as sharks and rays. However, conventional survey methods such as bottom trawling are constrained by mesh size limitations and often pose ecological risks, especially to these endangered species. Consequently, the diversity and spatiotemporal distribution patterns of large marine fauna in this region remain poorly documented due to the lack of systematic, non-invasive monitoring efforts. In this study, we conducted environmental DNA (eDNA) metabarcoding surveys across 25 stations in Guangdong in Feb(dry season) and June(wet season) in 2024. A total of 22 elasmobranch species were detected, including one Critically Endangered, five Endangered, and nine Vulnerable species. Species detected matched historically recorded species proves our eDNA approach provided a reliable, rapid, non-invasive alternative to assess threatened elasmobranchs. Significant differences in species composition were observed across seasons($p < 0.003$) and depth strata ($p < 0.001$). Structural equation modeling (SEM) revealed that the spatial distribution of teleost fishes (used as proxies for potential prey availability) was significantly associated with nitrogen-based nutrients and varied seasonally. Teleost abundance was indirectly linked to both the abundance and size of benthic elasmobranchs, suggesting that prey availability may influence the spatial structuring of these predator assemblages. Overall, eDNA metabarcoding represents an effective tool for non-invasive monitoring of large marine fauna in the coastal ecosystems of Guangdong, offering new insights into biodiversity patterns and their environmental drivers.

Keywords: eDNA, Elasmobranchs, Spatiotemporal distribution, Potential food resources, SEM, Coastal South China

Introduction

Marine ecosystems are increasingly threatened by human activities and climate change, resulting in biodiversity loss and altered community dynamics. Elasmobranchs (sharks and rays) play vital ecological roles, yet their populations have declined sharply, with limited data available in coastal South China. Traditional monitoring methods are labor-intensive, invasive, and often fail to detect rare or cryptic species. Environmental DNA (eDNA) metabarcoding offers a non-invasive, efficient alternative for biodiversity assessment. It enables simultaneous detection of multiple species from water samples, including elasmobranchs and their potential prey. This study applies eDNA metabarcoding across coastal sites in South China to investigate:

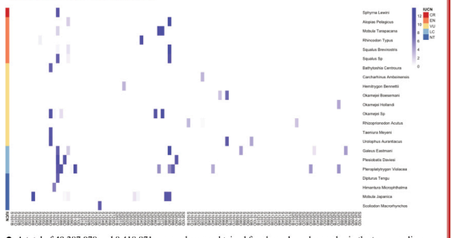
(1) whether eDNA can reveal the spatiotemporal distribution of elasmobranchs and prey fishes

(2) whether prey availability influences elasmobranch spatial structure.

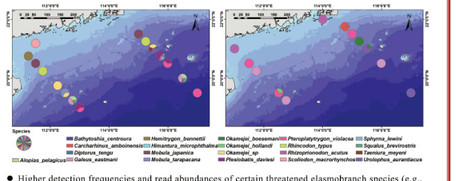
Materials and methods



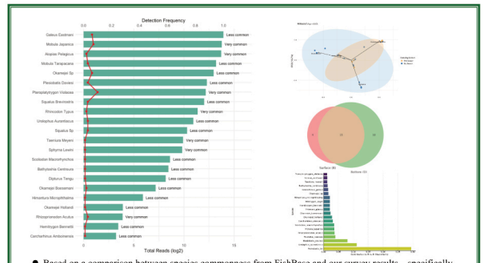
Results and discussion



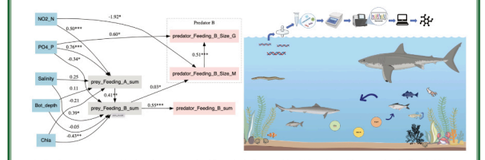
- A total of 49,287,078 and 8,418,871 raw reads were obtained for elasmobranch samples in the two sampling periods, respectively, with 2,065,360 and 21,592 high-quality reads retained after quality control.
- 22 elasmobranch species were detected, including one CR, five EN, and nine VU.



- Higher detection frequencies and read abundances of certain threatened elasmobranch species (e.g., *Sphyrna lewini, Atypus pelagicus*) were observed during the Feb(dry season), whereas species such as *Pteroplatytrygon violacea* and *Okamejei sp* were more prevalent during the Aug (wet season).
- The distributional patterns of benthic and pelagic prey species identified in this study suggest that seasonal shifts in prey communities could influence the foraging strategies and habitat selection of elasmobranchs.



- Based on a comparison between species commonness from FishBase and our survey results—specifically species occurrence frequency and log2-transformed absolute abundance—we found a generally strong correlation between species abundance and occurrence frequency.
- The community structures between the dry and wet seasons were significantly separated in two-dimensional space (PERMANOVA $p = 0.003$), with *Pteroplatytrygon violacea, Mobula japonica, Okamejei sp.,* and *Galeus eastmani* identified as indicator species.
- Significant differences in species composition were observed across seasons and depth strata ($p < 0.001$). with *Pateobatis fai, Urolophus aurantiacus, Plesiobatis daviesi, Mustelus manazo,* and *Rhizoprionodon acutus* identified as the major contributing species.



- Surface prey (prey A) abundance was significantly influenced by NO_3^--N and bottom depth ($P < 0.001$), with NO_3^--N showing the strongest effect (standardized path = 0.5223), indicating that nitrogen enrichment may promote prey availability in surface waters.
- Benthic prey (prey B) was strongly linked to surface prey abundance (path = 0.7779, $P < 0.001$), suggesting a vertical connection between water layers through resource transfer or ecological coupling.
- Benthic predators (predator B) were significantly affected by benthic prey availability and environmental variables (depth, NO_3^--N, PO_4^{3-}-P), highlighting the indirect role of environmental drivers on predator distribution.
- Predator body size structure, particularly in bottom-dwelling species, responded to both prey abundance and nutrient levels, with phosphate and nitrogen exerting size-specific effects ($P < 0.05$), reflecting environment-mediated trait differentiation.

References

- Andres, K. J., Lodge, D. M., & Andrés, J. (2023). Environmental DNA reveals the genetic diversity and population structure of an invasive species in the Laurentian Great Lakes. Proceedings of the National Academy of Sciences, 120(37), e2307345120.
- Dulvy, N. K., Pacoureau, N., Rigby, C. L., Pollom, R. A., Jabado, R. W., Ebert, D. A., . . . Derrick, D. H. (2021). Overfishing drives over one-third of all sharks and rays toward a global extinction crisis. Current Biology, 31(21), 4773-4787. e4778.
- Liu, Z. F., Collins, R. A., Baillie, C., Rainbird, S., Brittain, R., Griffiths, A. M., . . . Genner, M. J. (2022). Environmental DNA captures elasmobranch diversity in a temperate marine ecosystem. Environmental DNA, 4(5), 1024-1038.
- Mariani, S., Fernandez, C., Baillie, C., Magalon, H., & Jaquemet, S. (2021). Shark and ray diversity, abundance and temporal variation around an Indian Ocean Island, inferred by eDNA metabarcoding. Conservation Science and Practice, 3(6), 10.

Contact: 2487238025@qq.com; kristentangtyx@163.com

会议手册 Conference Handbook

Viral metagenomics reveals seasonal dynamics of viral communities and functional genes in drinking water source

Xia Cheng, Fan Wang, Xiaohong Zhou† School of Environment, Tsinghua University †E-mail: xhzhou@mail.tsinghua.edu.cn

Abstract

This study investigates seasonal dynamics of viral communities and functional genes in drinking water source using large-volume raw water collection, followed by cationic membrane filtration and centrifugal ultrafiltration. Metagenomic sequencing recovered over 1.6 million viral contigs, with Uroviricota and Phixviricota being the most prevalent among DNA viruses, and Lenarviricota and Pisuviricota being the most abundant among RNA viruses. Seasonal shifts in viral life strategies were linked to organic loading changes. High-risk viruses, including ssRNA and dsRNA, were more abundant in winter, suggesting enhanced adaptability and increased transmission risk under cold conditions. Numerous auxiliary metabolic genes (AMGs) implicated in the enhancement of microbial metabolic pathways were identified. Additionally, four antibiotic resistance genes (ARGs), and eighteen virulence factor genes (VFGs) were identified, indicating potential for horizontal transfer.

Methods

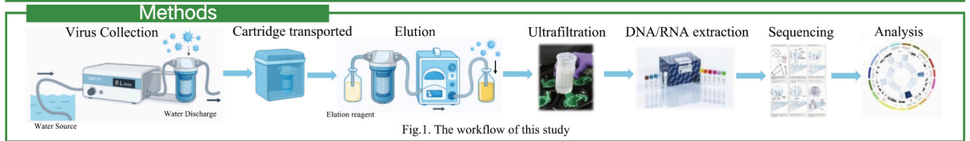


Fig.1. The workflow of this study

Results and discussion

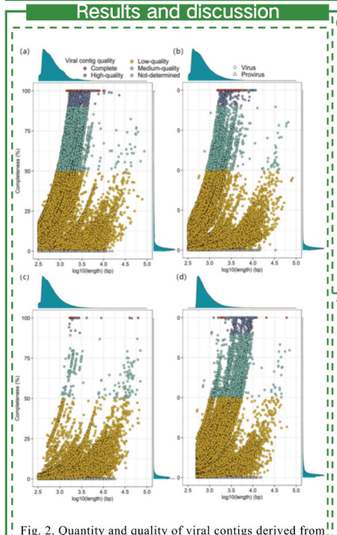


Fig. 2. Quantity and quality of viral contigs derived from viral-like particle concentrated (VPC) metagenomes. Contig quality of viruses identified from Spring (a), Summer (b), Autumn (c) and Winter (d) sample DNA metagenomes. Kernel density plots provide data distribution.

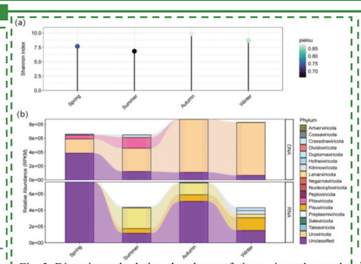


Fig. 3. Diversity and relative abundance of viruses in each sample (a) Alpha diversity, (b) Viral composition at the phylum level.

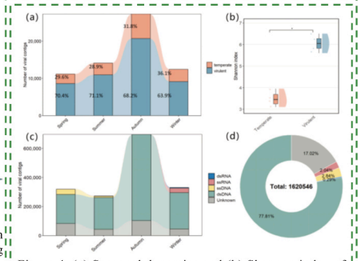


Figure 4. (a) Seasonal dynamics and (b) Shannon index of phages with different life strategies; (c) Seasonal dynamics and (d) Proportional composition of viruses with different types.

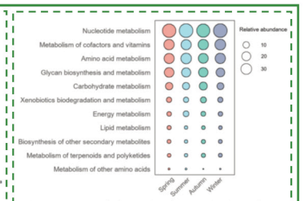


Fig. 5. Seasonal dynamic changes in the relative abundance of AMGs carried by viruses.

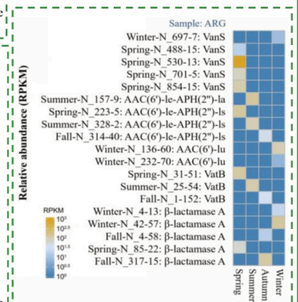


Fig. 6. Seasonal dynamic changes in the relative abundance of ARGs carried by viruses.

Discussion

- Seasonal shifts in viral communities showed Uroviricota and Phixviricota dominating DNA viruses, and Lenarviricota and Pisuviricota dominating RNA viruses.
- The proportion of temperate phages varied seasonally, with higher levels in winter, reflecting their adaptation to oligotrophic conditions.
- High-risk viruses, including dsRNA and ssRNA, were more abundant in winter, suggesting enhanced adaptability and transmission potential under cold conditions.
- Viral genomes contained AMGs, indicating that viruses may influence microbial metabolism and water quality.
- The detection of ARGs in viral genomes suggests the potential for horizontal gene transfer, contributing to the spread of resistance in aquatic environments.

Conclusion

This study, leveraging the strong performance of a large-volume water sampling method combined with cationic membrane filtration–centrifugal ultrafiltration for enriching free viral particles and recovering high-quality viral fragments, elucidated the seasonal dynamics of composition, diversity, and life strategies of viral communities in water source, as well as viral auxiliary metabolic genes (AMGs) and antibiotic resistance genes (ARGs). It provides a detailed and comprehensive perspective on the virosphere in drinking water sources. The findings enhance understanding of viral communities and offer valuable insights for optimizing the management of reservoir-type drinking water sources.

主办单位

云南大学生态与环境学院　中国环境科学研究院　中国环境监测总站　昆明学院

协办单位

中国环境科学学会青年科学家分会　云南省生态环境监测中心
中国电建集团昆明勘测设计研究院有限公司　中国地理学会湖泊与湿地分会
《湖泊科学》　云南省高原山地生态与退化环境修复重点实验室
深圳市环境科学研究院

扫描二维码查看会议官网
获取更多会议资讯