

环境 DNA 技术在西藏鱼类研究中的应用前景及挑战

王贵双^{1,2}, 刘飞¹, 王壮壮¹

(1.西藏自治区农牧科学院水产科学研究所, 西藏拉萨 850000; 2.西藏大学生态环境学院, 西藏拉萨 850000)

摘要: 围绕环境 DNA(eDNA)技术在西藏鱼类研究中的应用前景与挑战,旨在回应当前高原鱼类生态环境保护以及生物多样性调查方法亟待更新的实际需求。通过阐述 eDNA 技术的基本原理与特点,并结合西藏鱼类的资源分布、生态特征、研究现状等,分析 eDNA 技术在西藏鱼类多样性调查、濒危物种监测以及入侵物种检测等方面的应用潜力。结果表明:eDNA 技术具有高效、灵敏、非侵入性等优势,能够克服传统鱼类多样性调查方法的局限性,为西藏鱼类资源研究提供了新的技术手段。但在实际应用中,eDNA 技术仍面临诸多挑战,如需解决可以区分西藏各种鱼类的特异性引物;西藏鱼类在江河湖中种群数量分布不均,环境 DNA 富集难度大;另外,西藏目前缺乏可以做 eDNA 测序分析的平台,而样品在运输途中是否存在 eDNA 降解问题,也需进一步考证。

关键词: 环境 DNA(eDNA); 西藏鱼类; 多样性调查; 入侵物种检测; 濒危物种监测

中图分类号: Q819

文献标识码: A

Application Prospects and Challenges of Environmental DNA(eDNA) Technology in Fishes Research in Xizang

WANG Guishuang^{1,2}, LIU Fei¹, WANG Zhuangzhuang¹

(1.Institute of Fisheries Science,Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences,Lhasa Xizang 850000,China; 2.College of Ecology and Environment,Xizang University,Lhasa Xizang 850000,China)

Abstract: This paper explores the application prospects and challenges of environmental DNA(eDNA) technology in fishes research in Xizang, to respond to the practical needs for ecological environmental protection and biodiversity surveys methods of plateau fish species. By elucidating the basic principles and characteristics of eDNA technology, and integrating it with the resource distribution, ecological characteristics, and current research status of Xizang fishes, this study analyzes the potential applications of eDNA technology in biodiversity surveys, endangered species monitoring, and invasive species detection of Xizang fishes. The results indicate that eDNA technology has advantages such as high efficiency, sensitivity, and non-invasiveness. It can overcome the limitations of traditional fish biodiversity survey methods and provide a novel technical approach for fish resources in Xizang. However, eDNA technology still faces numerous challenges in practical applications, including the need to develop species-specific primers that can distinguishing various fish species in Xizang, the uneven population distribution of Xizang fishes in rivers and lakes, which complicates eDNA enrichment, and the current lack of platforms capable of conducting eDNA sequencing and analysis in Xizang. Additionally, further investigation is required to determine whether eDNA degradation occurs during sample transportation.

Key words: environmental DNA(eDNA); Xizang fishes; biodiversity survey; invasive species monitoring; endangered species monitoring

收稿日期: 2025-04-03

基金项目: 拉萨河重点水域外来鱼类监测与入侵风险评估技术的适应性集成示范项目(2023WX002)。

作者简介: 王贵双(1990—), 男, 硕士, 研究实习员, 主要从事西藏渔业资源研究, E-mail: guishuangwang@126.com。

1 西藏鱼类资源研究的特殊性

1.1 西藏鱼类资源及分布情况

西藏位于青藏高原,拥有独特的地理环境和丰富的生物资源。鱼类资源作为高原河流、湖泊、水库、湿地等水生态环境系统的重要组成部分,发挥着至关重要的作用。它们连接着初级生产者(如浮游植物、着生藻类)和顶级捕食者(如大型肉食性鱼类、鸟类、哺乳动物等),共同维持着高原水生态系统的微妙平衡与稳定,对系统的正常运转发挥着多方面的重要影响。因此,西藏的鱼类资源不仅蕴含着无可估量的生态价值,更对当地经济发展意义非凡^[1-2]。

从鱼类区系组成来看,西藏鱼类物种呈现出单一的特点,中亚山区高寒冷水性鱼类在其中占据绝对优势。主要涵盖鳅科(Cobitidae)的条鳅亚科(Nemacheilidae)、鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)的裂腹鱼亚科(Schizothoracinae),以及鲇形目(Siluriformes)的鲇科(Sisoridae)这三大类群^[3]。这些鱼类广泛分布于雅鲁藏布江、怒江、澜沧江、金沙江等主要水系,以及纳木错、羊卓雍措等高原湖泊之中。这些水域大多地处海拔极高的区域,强烈的紫外辐射、冰冷的水温,构成了鱼类生存的巨大挑战^[1]。

由于不同水系之间的鱼类物种种群交流极为有限,它们在漫长的进化过程中,逐渐在形态、生态习性等方面产生了显著差异,形成了独具特色的鱼类群落。这些群落展现出独特的生态适应性和特有性。面对水温低、食物资源匮乏的恶劣环境,高原鱼类需要耗费更长的时间才能完成性成熟和体成熟的过程。然而,一旦成功适应了高原环境,它们往往拥有较长的寿命和强大的抗逆性,在严酷的环境中顽强生存^[4]。

1.2 eDNA 技术研究西藏鱼类资源的可行性

近年来,西藏鱼类资源正面临着诸多严峻挑战。全球气候变暖导致水温升高、水流模式改变,人类活动的日益增加,如水利工程建设、过度捕捞、栖息地改变等,以及非本土鱼类的入侵,这些因素都可能对西藏鱼类的生理机能、繁殖习性、摄食习惯以及生态适应性产生深远影响,进而给西藏特有鱼类多样性保护带来前所未有的

困难^[5-6]。

在传统鱼类资源研究中,科研人员面临着诸多棘手难题。许多水域地势险峻、环境恶劣,采样难度极大;传统方法不仅成本高昂,需要耗费大量的人力、物力和财力,而且效率低下,难以在短时间内获取全面准确的数据。因此,探索新的研究方法和技术手段迫在眉睫,这对于深入了解西藏鱼类资源现状、切实保护生物多样性具有至关重要的意义。

eDNA 技术作为一种新兴的分子生物学技术,近年来在生物多样性监测、物种检测等领域展现出了广阔的应用前景^[7-9]。eDNA,即环境中存在的生物体释放的 DNA,其 DNA 来源广泛,包括生物体的细胞、排泄物、分泌物等。当生物体在环境中活动时,其 DNA 会随着生物体的代谢、死亡等过程自然释放到环境中,并在一定时间内保持相对稳定^[10-11]。

与传统调查方法相比,eDNA 技术具有显著优势。它无需对目标生物进行直接采样,从而避免了传统调查方法可能对生物体造成的伤害,有利于更好地保护生物多样性。研究人员只需采集环境样品,如水样、土壤等^[12-13],从中提取 DNA,再利用特定引物和 PCR 技术对目标物种的 DNA 进行扩增,最后通过测序和分析,就能够精确定目标物种的存在与否,以及其种类和数量信息^[14-17]。这种方法灵敏度极高,能够检测到环境中极低浓度的目标物种 DNA,即使是那些难以用传统方法检测到的物种也可能被及时发现。此外,同一环境样品可以进行多次检测,大大减少了采样时间和成本,能够在短时间内对大面积的环境样品进行检测,显著提高了研究效率。它在濒危物种检测、入侵物种监测等方面发挥着不可替代的重要作用。将环境 eDNA 技术应用于西藏鱼类研究,无疑为解决传统研究方法的局限性提供了一条全新的有效途径。

2 西藏鱼类资源研究情况

2.1 西藏渔业资源研究史

早在 20 世纪初,随着西方对青藏高原科学考察活动的增多,一些外国学者开始对西藏的鱼类资源进行相关的研究,如英国鱼类学家 Day^[18]

对包括西藏在内的喜马拉雅地区鱼类进行了初步的分类和描述,其研究成果为后续的研究奠定了一定的基础。

进入20世纪40年代,国内学者也开始关注西藏的鱼类资源。伍献文等^[19]在研究中国鱼类区系时,涉及到了西藏地区的一些鱼类种类,对其形态特征和分布范围进行了初步的记载。然而,由于当时西藏地区自然条件艰苦,交通极为不便,研究工作受到了很大的限制,对西藏鱼类资源的了解仍然十分有限。

新中国成立后,国家对西藏的科学研究给予了前所未有的高度重视。为了揭开西藏鱼类资源的神秘面纱,国家组织了多次大规模的综合科学考察活动。研究人员不辞辛劳地深入西藏各地,对鱼类资源展开了全面、系统的调查和研究。在这一时期,众多新的鱼类种类被发现,科研人员对西藏鱼类的分类、分布、生态习性等方面也有了更为深入的认识。张春霖等^[20-22]对西藏南部地区的裸鲤属(*Gymnocypris*)、条鳅属(*Nemachilus*)、裸裂尻鱼属(*Schizopygopsis*)进行了描述。伍献文等^[23]对采集的7属10种鲃科鱼类进行了描述。武云飞等^[4]则通过开展青藏高原鱼类研究,获得了更全面的第一手资料,并整理了前人的相关研究,编撰了具有里程碑意义的著作《青藏高原鱼类》,填补了国内在该领域的空白,为西藏鱼类资源的研究翻开了崭新的一页。1995年,西藏自治区水产局编撰了《西藏鱼类及其资源》,进一步补充完善了西藏鱼类的资源^[1]。乐佩琦等^[24]在《中国动物志 硬骨鱼纲 鲤形目(下卷)》裂腹鱼亚科一章中,详细记录了分布在西藏的30种亚种。

20世纪90年代至今,随着分子测序技术的快速发展以及研究方法的不断改进,形态学、分子生物学、生态学等多学科的手段被广泛应用于鱼类研究中。这些多学科的研究方法相互补充、相互印证,为鱼类研究带来了革命性的变化。随着异齿裂腹鱼(*Schizothorax oconnori*)^[25]、拉萨裂腹鱼(*Schizothorax waltoni*)^[26]、拉萨裸裂尻鱼(*Schizopygopsis younghusbandi*)^[27]等物种的线粒体基因组序列的公示,科学家们对高原鱼类独特的遗传多样性、种群结构、演化规律有了

新的认识。黑斑原鲃全基因组研究揭示了其如何适应青藏高原隆起所致的恶劣气候环境^[28-29]。Li等^[30]利用基因组学数据,并结合生物地理学、化石记录、线粒体基因组数据等,深入解析了青藏高原及周边裂腹鱼的多倍化演化过程,揭示了裂腹鱼在青藏高原隆起过程中的适应和演化机制。研究表明,裂腹鱼在长期的演化过程中经历了多次多倍化事件,这些事件使得裂腹鱼的基因组发生了复杂的变化,从而增强了它们对高原环境的适应能力。

2.2 西藏鱼类资源研究的技术变化

传统的鱼类资源研究主要依赖捕捞调查和形态学鉴定。捕捞调查是获取鱼类样本最直接的方式,通过在不同水域进行捕捞作业,收集各种鱼类标本,并对其种类进行初步鉴定。而形态学鉴定则是依据鱼类的外部形态特征,如体型、鳞片、鳍条等,对鱼类进行分类和鉴定。这些方法在一定程度上揭示了西藏鱼类的种类组成和分布特征,为鱼类分类学的发展做出了重要贡献^[31-32]。

然而,传统方法也存在一些局限性。捕捞调查不仅耗费大量的人力、物力和时间,还可能会对鱼类的生长和繁殖造成一定的影响。而形态学鉴定则需要专业的分类学家,对于一些形态相似的物种,仅凭外部形态特征很难进行准确鉴定,容易出现误判的情况。

近年来,随着分子生物学技术的发展,一些学者开始将分子标记技术应用于鱼类研究。线粒体DNA分析、微卫星标记等技术为西藏鱼类的研究提供了新的手段。这些技术可以从分子水平上对鱼类进行鉴定和分类,具有更高的准确性和可靠性。它们不仅可以区分形态相似的物种,还可以揭示物种间的亲缘关系和进化历程^[33-34]。

回顾西藏鱼类资源研究的发展历程,我们看到了无数科研人员的辛勤付出和卓越贡献。尽管如此,西藏鱼类资源研究仍面临着诸多挑战和机遇。随着科学技术的不断进步,新的研究方法和技术将不断涌现,为西藏鱼类资源研究提供更加强大的支持。例如,基因组学、转录组学等高通量测序技术的发展,将有助于我们更深入地了解鱼类的基因组成和功能,揭示鱼类的进化机制

和生态适应策略。同时,随着大数据和人工智能技术的应用,我们可以对大量的鱼类研究数据进行整合和分析,挖掘出更多有价值的信息,为鱼类资源的保护和可持续利用提供科学依据。

3 eDNA 技术在西藏鱼类资源研究中的应用及挑战

线粒体基因(*mtDNA*)因其独特的遗传特性(母系遗传、高突变率、无重组)在物种鉴定、系统发育重建及生物多样性研究中发挥了关键作用。早期 Avise^[35-36]探讨了孤雌生殖物种的多起源进化问题,展示了 *mtDNA* 在揭示物种繁殖模式和进化关系方面的强大能力。Cann 等^[37]通过分析全球现代人的 *mtDNA*,提出了所有现代人共同起源于非洲的母系祖先假说。Hebert 等^[38]对 200 多种鳞翅目昆虫进行分析后,确定线粒体细胞色素 c 氧化酶基因(COI 基因)可以作为物种鉴定的标准条形码,从而开启了 *mtDNA* 基因片段研究物种进化的新思路。

然而,关于 eDNA 的研究历史则更为久远。20 世纪 80 年代,Ogram 等^[39]首次报道从沉积物中提取环境 DNA 的操作规程,标志着人们研究 eDNA 的开端。随后,Willerslev 等^[40]从永久冻土中提取古巨型动物和古植物的 DNA,并从洞穴沉积物中提取了已灭绝的平胸恐鸟的 DNA,充分展示了 eDNA 在古生态研究中的应用潜力。Ficetola 等^[41]采用特异性引物扩增短片段线粒体 DNA 序列,追踪受控环境和自然湿地中牛蛙(*Rana catesbeiana*)的分布情况,结果表明,即便在该物种密度较低的环境中,也能检测到其存在,标志着 eDNA 技术在水生生物监测中的可行性。

西藏拥有丰富的鱼类资源,但由于地域广阔、环境复杂,传统调查方法难以全面、准确地了解鱼类的种类组成和分布特征^[42]。相比之下,eDNA 技术通过对不同水域环境样品的检测,能够快速、高效地获取鱼类多样性信息^[43-45]。这表明 eDNA 技术在西藏鱼类多样性调查中具有广阔的应用前景,能够有效克服传统方法的局限性,提高调查效率。

西藏有许多鱼类物种处于濒危状态,如亚东鲑(*Salmo trutta fario*)^[46]、平鳍裸吻鱼(*Psilorrhynchus homaloptera*)^[47]、黑斑原鲃(*Glypto-*

thorax melanospilus)^[48]等。这些物种数量稀少、分布范围狭窄,传统监测方法难以对其进行有效的跟踪和保护。而 eDNA 技术可以实现对这些濒危物种的实时监测,通过定期采集环境样品,检测濒危物种 DNA 的存在与否,从而及时掌握其种群动态和分布变化情况^[49-52]。

近年来,一些外来鱼类,如鲤鱼、鲫鱼等,在西藏水域逐渐扩散,它们与本地鱼类竞争生存空间和食物资源,导致本地鱼类生态平衡受到破坏^[53-58]。eDNA 技术可以快速、准确地检测入侵物种的存在,通过分析环境样品中的 DNA 序列,确定入侵物种的种类和分布范围,为入侵物种的防控提供科学依据^[59-61]。在西藏,eDNA 技术同样可以应用于入侵鱼类检测,及时发现并防控入侵物种的扩散。

此外,eDNA 技术还可以通过检测环境样品中的鱼类 DNA 以及与鱼类生存相关的其他生物(如浮游生物、底栖动物等)的 DNA,评估鱼类栖息地的生态环境质量^[62-65]。这为全面了解西藏鱼类资源及其生态环境提供了更为科学和高效的技术支持。

西藏不同水域环境条件差异较大^[66],如何设计合理的采样方案是 eDNA 技术应用的关键。采样点的选择、采样时间、采样频率等因素都会影响 eDNA 的检测结果^[67-68]。引物的选择直接影响 eDNA 的扩增效果和检测准确性^[69-70]。西藏鱼类种类繁多且多为特有物种,遗传背景复杂,这增加了引物设计的难度。一方面,需要设计特异性高、灵敏度强的引物,以确保能够精准检测目标物种;另一方面,还需要兼顾引物的通用性,以便能够同时检测多种鱼类物种。然而,目前针对西藏鱼类的 eDNA 引物研究还相对较少,未来需要进一步加强引物设计和筛选工作^[28]。

4 结论与讨论

4.1 结论

作为一种新兴的分子生物学技术,eDNA 技术近年来在生物多样性研究领域展现出了巨大的潜力,其应用前景备受瞩目。西藏拥有丰富的而独特的鱼类资源,但由于地理环境复杂、生态系统脆弱,传统调查方法在西藏鱼类资源研究中往

往面临诸多挑战。而 eDNA 技术凭借其高效、灵敏、非侵入性等显著优势,为解决这些问题提供了新的思路和途径。

在传统的鱼类资源调查过程中,研究人员常常需要深入水域,进行实地采样和观察。然而,这种方式不仅耗时耗力,而且对于深水区以及偏远地区的鱼类资源,其调查难度极大。相比之下,eDNA 技术只需采集一定量的水样,研究人员就能通过实验室分析,精准获取该水域的鱼类种类信息,从而大大缩短了采样周期。即使在鱼类数量稀少的河流湖泊段,其 DNA 片段也能被准确检测到。这一技术不仅避免了传统调查方法中可能对鱼类造成的伤害,而且更符合生态保护原则。

在自然水体中,对于那些种群分布极少的鱼类,传统监测方法往往难以准确掌握这些物种的分布和数量变化。而 eDNA 技术则能够通过检测环境样本中的特定 DNA 片段,实时监测物种的存在和动态变化。以西藏特有的黑斑原鲢为例,其生态位反映了高原气候变化和人类活动。根据近 30 年的调查数据发现,黑斑原鲢的种群数量及分布范围发生了改变,以前在拉萨河有分布,但近年来通过传统捕捞方法在拉萨河流域没有发现黑斑原鲢的遗迹^[1,58,71]。而通过 eDNA 技术,可以有效监测黑斑原鲢的时空分布,从而为及时制定保护措施提供科学依据。

此外,eDNA 技术在入侵物种检测方面也具有重要的应用价值^[72]。随着全球化的加速,外来物种入侵问题日益严重,对当地生态系统造成了巨大威胁。在西藏地区,一些外来鱼类物种的入侵已经对当地鱼类资源造成了影响,特别是湿地最容易受到外来鱼类入侵,改变原有的生态结构^[53,56]。eDNA 技术能够通过检测环境样本中的外来物种 DNA 片段,及时发现并预警入侵物种的存在,为采取相应的防控措施提供有力支持,从而更好地保护当地生态系统的稳定与平衡。

4.2 讨论

尽管 eDNA 技术在西藏鱼类资源研究中具有广阔的应用前景,但在实际应用中仍面临着诸多技术难题。

首先,在采样设计方面,西藏地区的水域环

境复杂多变,不同水域的水质、水流、温度等因素都会影响 eDNA 的分布和稳定性。eDNA 主要源自鱼类皮肤的脱落、代谢产物的释放,以及鱼类自身因损伤或死亡而保留在水体环境中的 DNA 片段^[73]。然而,在利用 eDNA 评估鱼类物种数量及空间分布时,往往会忽略鱼类种群的动态迁移特性,以及鱼类在自然水体中留存 eDNA 含量的事实。例如,当鱼类在自然水体中一个区域迁移到另一个区域时,虽然 eDNA 能够检测到其存在,但此时该区域的种群数量实际上已经发生了变化;再者,当鱼类死亡时,其遗留在水体中的 DNA 量必然会比常规含量高^[74]。因此,如何设计合理的采样方案,确保采集到的样本能够准确反映该水域的鱼类资源情况,避免在西藏鱼类多样性评估中因 eDNA 技术而出现假阳性结果,已成为当前亟待解决的关键问题之一。

其次,引物是 PCR 扩增过程中的关键因素,其选择直接影响到 eDNA 的检测效果。在西藏鱼类的研究中,由于鱼类的特异性十分明显,且不同物种之间的 DNA 序列差异较大,因此需要设计特异性强的引物,以确保准确无误地检测到目标物种。然而,目前针对西藏鱼类 eDNA 的通用引物设计仍存在一定困难,需要进一步研究和优化。尽管研究人员已验证了 COI 基因在展现裂腹鱼物种之间的遗传分化方面具有一定的有效性^[75],但 COI 基因很难全面体现西藏全部鱼类的遗传变化,特别是受青藏高原隆起形成的地理隔离所导致的裂腹鱼亚科鱼类物种分化情况。此外,自然水体中还存在鱼类跨物种杂交的现象^[76],这无疑进一步增加了引物设计的复杂性和难度。

作为一种新兴的分子生物学技术,eDNA 技术在西藏鱼类资源研究中具有广阔的应用前景。尽管目前面临着采样设计、引物选择等技术难题,但随着研究的不断深入和技术的持续进步,相信这些问题都将得到逐步解决。

展望未来,eDNA 技术有望在西藏鱼类多样性调查、濒危物种监测、入侵物种检测等方面发挥更大的作用,为西藏鱼类资源的保护和可持续利用提供有力支持。同时,随着技术的不断完善和推广,eDNA 技术还有望在西藏地区的生态保

护、环境监测等领域得到更广泛的应用,从而为西藏地区的生态环境保护事业贡献更多力量。

参考文献:

- [1] 西藏自治区水产局.西藏鱼类及其资源[M].北京:中国农业出版社,1995.
- [2] 张春光,贺大为.西藏的鱼类资源[J].生物学通报,1997(6):9-10.
- [3] 陈毅峰.裂腹鱼类的系统进化及资源生物学[D].武汉:中国科学院水生生物研究所,2000.
- [4] 武云飞,吴翠珍,著.青藏高原鱼类[M].成都:四川科学技术出版社,1992.
- [5] 洪纬.明清以来传统鱼类分类方法研究(1491—1947)——以福建省为中心[D].上海:上海交通大学,2013.
- [6] 雷俊,苏园园,尹连政,等.基于 eDNA 技术与传统渔具调查方法的万泉河鱼类多样性的比较研究[J].渔业科学进展,2025,46(2):147-161.
- [7] YAO M,ZHANG S,LU Q,et al.Fishing for Fish Environmental DNA: Ecological Applications, Methodological Considerations, Surveying Designs, and Ways Forward[J]. Molecular Ecology, 2022, 31(20): 5132-5164.
- [8] NAGLER M,PODMIRSEG S M,ASCHER-JENULL J,et al. Why eDNA Fractions Need Consideration in Biomonitoring [J]. Molecular Ecology Resources, 2022,22(7):2458-2470.
- [9] BESSEY C,JARMAN S N,SIMPSON T,et al. Passive eDNA Collection Enhances Aquatic Biodiversity Analysis[J]. Communications Biology, 2021, 4(1): 236.
- [10] SAHU A,SINGH M,LAXMI R K,et al.Environmental DNA(eDNA): an Eco-Friendly Approach for Conservation of Indian Freshwater Diversity-a Review[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2025,32(15):9333-9360.
- [11] RAVINDRAN S.Turning Discarded DNA into Ecology Gold[J]. Nature, 2019,570(7762):543-545.
- [12] OLDEN J D,KENNARD M J,LEPRIEUR F,et al. Conservation Biogeography of Freshwater Fishes: Recent Progress and Future Challenges[J]. Diversity and Distributions, 2010,16(3):496-513.
- [13] BOHMANN K,EVANS A,GILBERT M T P,et al. Environmental DNA for Wildlife Biology and Biodiversity Monitoring [J]. Trends in Ecology & Evolution, 2014,29(6):358-367.
- [14] THOMSEN P F,WILLERSLEV E. Environmental DNA-an Emerging Tool in Conservation for Monitoring Past and Present Biodiversity[J]. Biological Conservation, 2015,183:4-18.
- [15] YAMAMOTO S,MASUDA R,SATO Y,et al.Environmental DNA Metabarcoding Reveals Local Fish Communities in a Species-Rich Coastal Sea[J]. Scientific Reports, 2017,7:40368.
- [16] LODGE D M,TURNER C R,JERDE C L,et al.Conservation in a Cup of Water: Estimating Biodiversity and Population Abundance from Environmental DNA [J]. Molecular Ecology, 2012,21(11):2555-2558.
- [17] BIZZOZERO M R,ALTERMATT F,CICCIARELLA R,et al.Enhancing Environmental DNA Metabarcoding from Marine Ecosystems: Impact of Filter Type, Storage Method, and Storage Time on the Assessment of Fish Alpha and Beta Diversity[J]. Environmental DNA, 2024,6(3):e570.
- [18] DAY F.The fishes of India; being a natural history of the fishes known to inhabit the seas and fresh waters of India, Burma, and Ceylon[M]. London: B. Quaritch, 1878.
- [19] 伍献文等.中国鲤科鱼类志(上下卷)[M].上海:上海科学技术出版社,1982.
- [20] 张春霖,岳佐和,黄宏金.西藏南部的鱼类[J].动物学报,1964,10(2):272-282.
- [21] 张春霖,岳佐和,黄宏金.西藏南部的条鳅属(*Nemachilus*)鱼类[J].动物学报,1963,9(4):624-632.
- [22] 张春霖,岳佐和,黄宏金.西藏南部的裸裂尻鱼属(*Schizopygopsis*)鱼类[J].动物学报,1964,10(4):661-673.
- [23] 伍献文,何名巨,褚新洛.西藏地区的(鱼兆)科鱼类[J].海洋与湖沼,1981,12(1):74-79.
- [24] 乐佩琦,中国科学院中国动物志编辑委员会.中国动物志 硬骨鱼纲 鲤形目(下卷)[M].北京:科学出版社,2000.
- [25] CHEN Y,CHENG Q Q,QIAO H Y,et al.The Complete Mitochondrial Genome Structure of *Schizothorax Oconnori* (Cypriniformes: Cyprinidae) [J]. Mitochondrial DNA, 2013,24(6):630-632.
- [26] CHEN Y,CHENG Q Q,QIAO H Y,et al.The Complete Mitochondrial Genome Structure of *Schizothorax Oconnori* (Cypriniformes: Cyprinidae) [J]. Mitochondrial DNA, 2013,24(6):630-632.
- [27] QIAO H Y,CHENG Q Q,CHEN Y,et al.The Complete Mitochondrial Genome Sequence of *Schizopygopsis Younghusbandi* (Cypriniformes: Cyprinidae) [J]. Mitochondrial DNA, 2013,24(4):388-390.
- [28] XIAO S J,MOU Z B,YANG R B,et al.Genome and Population Evolution and Environmental Adaptation of *Glyptosternon maculatum* on the Qinghai-Tibet Plateau[J]. Zoological Research, 2021,42(4):502-513.

- [29] YANG L D, SUN N, ZENG H H, et al. Enlarged Fins of Tibetan Catfish Provide New Evidence of Adaptation to High Plateau[J]. *Science China Life Sciences*, 2023, 66(7):1554-1568.
- [30] LI X X, WANG M, ZOU M, et al. Recent and Recurrent Autopolyploidization Fueled Diversification of Snow Carp on the Tibetan Plateau[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2024, 41(11):msae221.
- [31] 李雷, 马波, 金星, 等. 西藏雅鲁藏布江大峡谷墨脱江段鱼类群落结构及多样性的空间分布特征[J]. *中国水产科学*, 2022, 29(9):1326-1336.
- [32] 周建设, 李宝海, 潘瑛子, 等. 西藏渔业资源调查研究进展[J]. *中国农学通报*, 2013(5):53-57.
- [33] MA Q Z, HE K, WANG X D, et al. Better Resolution for Cytochrome *b* than Cytochrome *c* Oxidase Subunit I to Identify *Schizothorax* Species (Teleostei: Cyprinidae) from the Tibetan Plateau and Its Adjacent Area [J]. *DNA and Cell Biology*, 2020, 39(4):579-598.
- [34] QI D L, LI T P, ZHAO X Q, et al. Mitochondrial Cytochrome *b* Sequence Variation and Phylogenetics of the Highly Specialized Schizothoracine Fishes (Teleostei: Cyprinidae) in the Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Biochemical Genetics*, 2006, 44(5-6):270-285.
- [35] AVISE J C. Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences*, 1986, 312(1154):325-342.
- [36] AVISE J C. Matriarchal Liberation[J]. *Nature*, 1991, 352(6332):192.
- [37] CANN R L, STONEKING M, WILSON A C. Mitochondrial DNA and Human Evolution [J]. *Nature*, 1987, 325(6099):31-36.
- [38] HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L, et al. Biological Identifications through DNA Barcodes [J]. *Proceedings Biological Sciences*, 2003, 270 (1512):313-321.
- [39] OGRAM A, SAYLER G S, BARKAY T. The Extraction and Purification of Microbial DNA from Sediments[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1987, 7(2/3):57-66.
- [40] WILLERSLEV E, HANSEN A J, BINLADEN J, et al. Diverse Plant and Animal Genetic Records from Holocene and Pleistocene Sediments [J]. *Science*, 2003, 300(5620):791-795.
- [41] FICETOLA G F, MIAUD C, POMPANON F, et al. Species Detection Using Environmental DNA from Water Samples[J]. *Biology Letters*, 2008, 4(4):423-425.
- [42] TONG C, LI M, TANG Y T, et al. Genomic Signature of Shifts in Selection and Alkaline Adaptation in Highland Fish [J]. *Genome Biology and Evolution*, 2021, 13(5):evab086.
- [43] 魏秘. 西藏帕隆藏布鱼类多样性调查及环境 DNA 宏条形码技术的应用研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2019.
- [44] 李冰, 冯秀, 朱仁, 等. 雅鲁藏布江中游拉萨裸裂尻鱼环境 DNA 检测及生物量评估[J]. *水生态学杂志*, 2024, 45(2):84-91.
- [45] 王梦. 基于 eDNA 技术的长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区重庆段鱼类多样性季节变化研究[D]. 重庆: 重庆师范大学, 2023.
- [46] 赵竹明, 刘长琳, 李杰, 等. 西藏亚东鲑鱼产业发展现状及对策建议[J]. *中国渔业经济*, 2022, 40(6):20-26.
- [47] WANG Y J, HU M H, WU Y F. Threatened Fishes of the World: *Psilorhynchus Homaloptera* Hora & Mukerji, 1935 (Psilorhynchidae) [J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2009, 86(2):349-350.
- [48] 诸新洛等. 中国科学院中国动物志编辑委员会. 中国动物志 硬骨鱼纲 鲑形目 [M]. 北京: 科学出版社, 1999.
- [49] ELBERRI A I, GALAL-KHALLAF A, GIBREEL S E, et al. DNA and EDNA-Based Tracking of the North African Sharptooth Catfish *Clarias Gariepinus* [J]. *Molecular and Cellular Probes*, 2020, 51:101535.
- [50] CHEN X Y, LI S, ZHAO J D, et al. Passive eDNA Sampling Facilitates Biodiversity Monitoring and Rare Species Detection [J]. *Environment International*, 2024, 187:108706.
- [51] XU N, ZHU B, SHI F, et al. Monitoring Seasonal Distribution of an Endangered Anadromous Sturgeon in a Large River Using Environmental DNA [J]. *Die Naturwissenschaften*, 2018, 105(11/12):62.
- [52] THOMSEN P F, KIELGAST J, IVERSEN L L, et al. Detection of a Diverse Marine Fish Fauna Using Environmental DNA from Seawater Samples [J]. *PLoS One*, 2012, 7(8):e41732.
- [53] 刘明典, 朱峰跃, 朱挺兵, 等. 西藏水生生物资源与环境本底状况调查 (2017—2021) [J]. *水产学报*, 2025(3):113-136.
- [54] 钱建硕. 外来丁鲷 (*Tinca tinca*) 在青藏高原繁殖成功、建群和扩散的风险 [D]. 拉萨: 西藏大学, 2024.
- [55] 孙欢欢, 刘怡萱, 洛桑, 等. 青藏高原外来鱼类入侵现状和防控措施探讨 [J]. *环境生态学*, 2022, 4(11):63-66, 74.
- [56] 朱仁, 隋晓云, 孙欢欢, 等. 西藏拉鲁湿地和茶巴朗湿地外来鱼类群落结构及变动趋势 [J]. *水生生物学报*, 2022, 46(12):1761-1769.
- [57] 刘海平, 叶少文, 杨雪峰, 等. 西藏尼洋河水生生物群

- 落时空动态及与环境因子关系:2.着生藻类[J].湖泊科学,2013(6):907-915.
- [58] 王孟.拉萨河鱼类群落结构及食物组成研究[D].保定:河北大学,2024.
- [59] DARLING J A, FOLINO-ROREM N C. Genetic Analysis across Different Spatial Scales Reveals Multiple Dispersal Mechanisms for the Invasive Hydrozoan *Cordylophora* in the Great Lakes[J]. *Molecular Ecology*, 2009, 18(23):4827-4840.
- [60] IMAMURA A, HAYAMI K, SAKATA M K, et al. Environmental DNA Revealed the Fish Community of Hokkaido Island, Japan, after Invasion by Rainbow Trout[J]. *Biodiversity Data Journal*, 2020, 8:e56876.
- [61] LOEZA-QUINTANA T, CROOKES S, LI P Y, et al. Environmental DNA Detection of Endangered and Invasive Species in Kejimikujik National Park and Historic Site[J]. *Genome*, 2021, 64(3):172-180.
- [62] KNUDSEN S W, HESSELSØE M, THAULOW J, et al. Monitoring of Environmental DNA from Nonindigenous Species of Algae, Dinoflagellates and Animals in the North East Atlantic[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 821:153093.
- [63] HERING D, BORJA A, JONES J I, et al. Implementation Options for DNA-Based Identification into Ecological Status Assessment under the European Water Framework Directive [J]. *Water Research*, 2018, 138(1):192-205.
- [64] JABLONSKA M, ELERŠEK T. A New Quantitative PCR Assay for Detection of Potentially Anatoxin-Producing Cyanobacteria[J]. *Harmful Algae*, 2025, 142:102785.
- [65] MIYATA K, INOUE Y, AMANO Y, et al. Comparative Environmental RNA and DNA Metabarcoding Analysis of River Algae and Arthropods for Ecological Surveys and Water Quality Assessment[J]. *Scientific Reports*, 2022, 1(1):19828.
- [66] 杨勤业, 郑度. 西藏地理-自然卷[M]. 北京: 五洲传播出版社, 2002.
- [67] EL BAIDOURI F, WATTS A W, MILLER J T, et al. An Optimized eDNA Protocol for Fish Tracking in Estuarine Environments[J]. *Scientific Reports*, 2025, 15(1):1175.
- [68] EDWARDS C E, SWIFT J F, LANCE R F, et al. Evaluating the Efficacy of Sample Collection Approaches and DNA Metabarcoding for Identifying the Diversity of Plants Utilized by Nectivorous Bats[J]. *Genome*, 2019, 62(1):19-29.
- [69] KUMAR G, REAUME A M, FARRELL E, et al. Comparing eDNA Metabarcoding Primers for Assessing Fish Communities in a Biodiverse Estuary [J]. *PLoS One*, 2022, 17(6):e0266720.
- [70] SHU L, LUDWIG A, PENG Z G. Environmental DNA Metabarcoding Primers for Freshwater Fish Detection and Quantification: In Silico and in Tanks[J]. *Ecology and Evolution*, 2021, 11(12):8281-8294.
- [71] 郭宝英. 黑斑原鲌遗传多样性分析及微卫星标记的开发[D]. 武汉: 华中农业大学, 2009.
- [72] SAHU A, SINGH M, LAXMI R K, et al. Environmental DNA (eDNA): an Eco-Friendly Approach for Conservation of Indian Freshwater Diversity—a Review[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2025, 32(15):9333-9360.
- [73] NAGLER M, PODMIRSEG S M, ASCHER-JENULL J, et al. Why eDNA Fractions Need Consideration in Biomonitoring [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2022, 22(7):2458-2470.
- [74] JERDE C L. Can we Manage Fisheries with the Inherent Uncertainty from eDNA? [J]. *J Fish Biol*, 2021, 98(2):341-353.
- [75] ZHANG C, SUI L Y, HAN X K. DNA Barcoding of Schizothoracinae Fishes from the Yarlung Zangbo River in Tibet[J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2022, 33(1-8):24-28.
- [76] 赵天一. 拉萨裂腹鱼, 异齿裂腹鱼及其自然杂交种 Cyt b 基因序列, 外部形态和肌肉营养成分差异的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2022.
- [77] YANG L, SADO T, VINCENT HIRT M, et al. Phylogeny and Polyploidy: Resolving the Classification of Cyprinine Fishes (Teleostei: Cypriniformes) [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2015, 85:97-116.
- [78] 谢从新, 霍斌, 魏开建, 等. 雅鲁藏布江中游裂腹鱼类生物学与资源保护[M]. 北京: 科学出版社, 2019.
- [79] 武云飞, 谭齐佳. 青藏高原鱼类区系特征及其形成的地史原因分析[J]. *动物学报*, 1991(2):135-152.
- [80] 何德奎, 陈毅峰. 高度特化等级裂腹鱼类分子系统发育与生物地理学[J]. *科学通报*, 2007(3):303-312.