



环境科学研究

Research of Environmental Sciences

基于环境DNA技术与生态网络分析的长江口春季浮游植物群落研究

翟帅 方泽平 黄孝锋 高欣 孟顺龙 宋超

Study on the Eukaryotic Phytoplankton Community in the Yangtze River Estuary in Spring Using Environmental DNA Technology and Ecological Network Analysis

ZHAI Shuai, FANG Zeping, HUANG Xiaofeng, GAO Xin, MENG Shunlong, SONG Chao

在线阅读 View online: <https://www.hjkxyj.org.cn/article/doi/10.13198/j.issn.1001-6929.2025.06.14>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

鸭绿江口海域浮游植物粒级结构的环境差异响应

Environmental Stress Responses in the Size-Fractionized Phytoplankton in the Yalu River Estuary Waters

环境科学研究. 2025, 38(1): 78–89. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2024.11.03>

长江中下游环境DNA宏条形码生物多样性检测技术初步研究

Preliminary Study on Environmental DNA Metabarcoding for Detecting Biodiversity in the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River

环境科学研究. 2020, 33(5): 1187–1196. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2020.03.06>

珠江流域浮游植物群落特征及驱动因素

Community Characteristics and Driving Factors in the Pearl River Basin

环境科学研究. 2024, 37(11): 2490–2502. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2024.07.15>

生态调控后贵州花溪水库浮游植物群落结构的变化特征及影响因素

Variation Characteristics and Influencing Factors of the Structure of a Phytoplankton Community After an Ecological Regulation in Huaxi Reservoir, Guizhou Province

环境科学研究. 2020, 33(3): 589–598. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2019.09.02>

基于功能群的浮游植物群落驱动因子及水质评价适用性分析：以骆马湖为例

Driving Factors of Phytoplankton Functional Groups and Applicability of Water Quality Evaluation: A Case Study of Lake Luoma

环境科学研究. 2023, 36(10): 1915–1926. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2023.07.17>

海河流域天津段浮游植物功能群分布特征及其与环境因子的关系

Distribution Characteristics of Phytoplankton Functional Groups and Their Relationship with Environmental Factors in Tianjin Section of Haihe River Basin

环境科学研究. 2024, 37(10): 2192–2203. <https://doi.org/10.13198/j.issn.1001-6929.2024.08.02>



关注微信公众号，获得更多资讯信息

特别策划：“长江生态系统健康评估”专题

编者按：长江作为我国生态安全的重要战略屏障，其生态系统健康状况直接关系到国家生态文明建设和高质量发展全局。近年来，随着《中华人民共和国长江保护法》实施以及“十年禁渔”等重大生态工程推进，长江生态系统健康评估成为流域治理与生态保护的核心议题之一。本刊特邀请云南大学张效伟教授与中国水产科学研究院淡水渔业研究中心宋超研究员作为本期专题“长江生态系统健康评估”的特邀主编，组织汇集了近期在该领域的研究进展与实践成果。本专题研究成果强调基于指示种的生物完整性与系统功能的综合评估路径，围绕长江流域典型区域的水生生物群落结构特征、环境因子驱动机制、生态指示种筛选与响应规律、基于 eDNA 与生态网络的新兴评估技术、水生态修复指标构建以及流域生态工程成效评估等展开，呈现了多学科交叉、多尺度耦合的研究特征。论文成果将为长江生态系统的科学保护、系统修复和健康管理提供理论依据与技术支持，助力“共抓大保护、不搞大开发”战略目标的实现。



张效伟，云南大学教授，国家重点研发计划项目首席科学家、国家重大人才工程特聘教授，兼任 ES&T 副主编、世界银行及世界粮农组织咨询专家。长期致力于生态毒理学与水生态健康研究，提出基于组学的生态风险评估策略，开发环境 DNA 精准生物监测与生态健康评估技术。首创分子物种敏感性分布模型与基于有害结局路径的毒害化学品筛查体系，突破传统监测局限与化学品毒性信息匮乏难题。在 *Nature Sustainability*、*Nature Communications*、*Global Change Biology*、*Environmental Science & Technology* 等权威刊物发表 SCI 论文 270 余篇，引用 8 000 余次，出版 3 部专著，培养 4 名国家级人才。研发环境 DNA 监测技术及装备，构建本土物种条形码数据库，建立我国首套 eDNA 技术标准体系，获 17 发明专利、2 项商业转让，孵化高新技术企业 1 家，制定 5 项技术标准被多部门采用。技术成果应用于国内外多地，政策建议获生态环境部采纳，获美国化学学会 ES&T “Early Career Scientists” 等荣誉，有力推动我国水生态环境领域科技自主创新。



宋超，研究员，现任中国水产科学研究院淡水渔业研究中心渔业环境保护研究室副主任，南京农业大学博士生导师。主要研究方向为渔业生态和环境安全、渔业生态系统健康评估。具体工作是开展长江渔业生态系统健康研究，解析长江环境污染物代谢分布，将基于环境 DNA 精准生物监测与生态健康评估新技术大力推广运用。入选江苏省科协青年托举人才计划、入选江苏省“333”高层次人才培养对象、南京大学紫金全兴环境基金会杰出青年校友和中国水产科学研究院拔尖人才。在 *Aquaculture*、*Food Chemistry*、*Journal of Hazardous Materials*、*Process Safety and Environmental Protection* 等国际权威期刊发表 SCI 论文 80 余篇，授权国家发明专利 10 余项，主持和参与国家自然科学基金、国家重点研发计划（子课题）、国家农产品质量安全风险评估以及中央级基本科研业务费项目等 10 余项。担任中国环境科学学会水处理与回用委员会委员、江苏省环境学会生物多样性委员会委员等。

基于环境 DNA 技术与生态网络分析的长江口春季浮游植物群落研究

翟 帅¹，方泽平¹，黄孝锋^{1*}，高 欣²，孟顺龙²，宋 超^{2*}

1. 长江大学动物科学技术学院，湖北 荆州 434025
2. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心，江苏 无锡 214081

摘要：长江口作为河海交汇生态敏感区，其浮游植物群落是维持河口生态系统的核心环节，但传统形态学鉴定存在耗时长、易漏检稀有类群等局限。为精准掌握长江口浮游植物群落特征及与环境因子的相互关系，以支撑长江口生态保护需求，本研究结合

收稿日期：2025-03-28 修订日期：2025-06-14

作者简介：翟帅(2001-)，男，河南信阳人，18872083253@163.com

* 责任作者：①黄孝锋(1980-)，男，湖北潜江人，副教授，博士，主要从事水生生物资源保护与利用研究，xfhuang2020@163.com；②宋超(1985-)，男，江苏溧阳人，研究员，博士，主要从事渔业生态和环境安全评估研究，songc@ffrc.cn

基金项目：国家重点基础研究发展计划项目(No.2022YFC3202100)

Supported by National Basic Research Program of China(No.2022YFC3202100)

环境 DNA(eDNA) 高通量测序技术与生态网络分析方法, 对 2024 年 5 月长江口 11 个采样点的水样及其主要环境因子进行了综合分析。结果表明: ①研究期间长江口共识别出 67 种浮游植物, 涵盖 5 门 7 纲 31 科 42 属。其中, 硅藻门(Bacillariophyta)、金藻门(Chrysophyta)、绿藻门(Chlorophyta) 为主导类群, 且汉斯冠盘藻(*Stephanodiscus hantzschii*) 和彼德森黄群藻(*Synura petersenii*) 是区域内的绝对优势种。② α -多样性分析显示, 长江口北支与东海交汇点(HK02) 的群落丰富度和多样性最高, 长江口南支与长江支流交汇点(HK08) 的群落丰富度最低, 呈显著空间分异。③Mantel test 检验、生态网络分析及冗余分析表明, 盐度(SAL) 和总溶解性固体(TDS) 是影响长江口浮游植物的关键环境因子, 透明度(SD)、温度(WT)、TN 等环境因子影响浮游植物多样性和优势群落结构组成。研究显示, eDNA 技术与生态网络分析的方法结合可高效解析浮游植物的空间分布及环境响应特征, 可为长江口生态保护提供技术支撑与科学依据。

关键词: 浮游植物; 环境 DNA; 生态网络分析; 多样性; 长江口

中图分类号: X835

文章编号: 1001-6929(2025)07-1407-11

文献标志码: A

DOI: 10.13198/j.issn.1001-6929.2025.06.14

Study on the Eukaryotic Phytoplankton Community in the Yangtze River Estuary in Spring Using Environmental DNA Technology and Ecological Network Analysis

ZHAI Shuai¹, FANG Zeping¹, HUANG Xiaofeng^{1*}, GAO Xin², MENG Shunlong², SONG Chao^{2*}

1. College of Animal Science and Technology, Yangtze University, Jinzhou 434025, China

2. Freshwater Fishery Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China

Abstract: The Yangtze River estuary is an ecologically sensitive area at the confluence of rivers and seas, and its phytoplankton community is the core link to maintain the estuarine ecosystem. However, the traditional morphological identification is time-consuming and easy to miss the detection of rare groups. In order to accurately grasp the characteristics of phytoplankton community and the relationship between phytoplankton community and environmental factors in the Yangtze River Estuary, and to support the needs of ecological protection in the Yangtze River Estuary. This study combined environmental DNA (eDNA) high-throughput sequencing technology and ecological network analysis method to comprehensively analyze the water samples and the main environmental factors at 11 sampling points in the Yangtze River Estuary in May 2024. The results showed that: (1) During the study period, a total of 67 phytoplankton species were identified belong to 5 phyla, 7 classes, 31 families and 42 genera. Among them, Bacillariophyta, Chrysophyta and Chlorophyta were the dominant taxa, while *Stephanodiscus hantzschii* and *Synura petersenii* were the dominant species. (2) α -diversity analysis showed that the community richness and diversity of the northern branch of the Yangtze River Estuary and the intersection of the East China Sea (HK02) were the highest, while the community richness of the southern branch of the Yangtze River Estuary and the intersection of the Yangtze River tributary (HK08) was the lowest, showing significant spatial differentiation. (3) Mantel test, ecological network analysis and redundancy analysis indicated that salinity (SAL) and total dissolved solids (TDS) were the key environmental factors affecting phytoplankton in the Yangtze River Estuary, and environmental factors such as transparency (SD), temperature (WT) and TN affected phytoplankton diversity and dominant community structure. The results show that the combination of eDNA community monitoring and ecological network analysis can efficiently analyze the spatial distribution pattern of phytoplankton and its environmental response characteristics, which provides a new technical means and scientific basis for the ecological protection of the Yangtze River Estuary.

Keywords: phytoplankton; environmental DNA; ecological network analysis; diversity; Yangtze River Estuary

长江口是长江水系与东海的关键区域, 是全球重要河口生态地区之一, 具有淡咸水交汇、潮汐动力复杂和生物多样性丰富等独有特征^[1-2]。然而, 随着流域人口增长和工农业活动的加剧, 长江口正面临日益严峻的复合污染压力^[3-6]。尤其是水质退化与富营养化问题已成为突出的环境挑战, 主要源于高浓度的氮、磷等营养盐通过长江干流输送到河口, 叠加沿岸城市生活污水、船舶排放和水产养殖污染, 导致浮游植物

异常增殖、低氧区的扩张及底栖生物群落的退化, 这些因素共同威胁着区域水生生物的生存和水质的长期健康^[7-13]。

在此背景下, 采用先进的技术手段来研究长江口的浮游植物群落结构具有重要意义, 这不仅对生态修复工作至关重要, 也为适应性管理策略的制定提供了关键科学依据^[14-15]。传统的水质监测和生物调查方法因受到复杂多变的水文条件(如潮汐涨落和强水

流冲击)影响,往往难以精确控制采样的时空精度,导致检测结果偏差较大,无法准确反映水质的即时和累积变化。此外,传统的浮游植物研究方法(如显微镜观察),虽能提供形态学信息,但在种类鉴定和样品处理方面存在明显的局限性,尤其是在处理大规模或复杂度高的样本时效率极低^[16]。

环境 DNA(eDNA)技术的应用为应对上述挑战提供了新的解决方案。该技术通过从环境样本(如水样和沉积物)中提取、扩增和分析生物遗留的 DNA 片段,能够快速、灵敏地检测出存在的物种信息,显著提升了生物多样性监测的效率与精度^[17-20]。eDNA 技术近年来在长江口生态研究中取得系列进展,成功应用于鱼类资源监测、底栖动物评估等领域。但浮游植物研究仍依赖传统显微镜观察,将 eDNA 技术应用于长江口的浮游植物多样性研究,不仅能克服传统方法的局限,还能全面精确地揭示该区域浮游植物群落的真实状况^[21-26]。这不仅有助于深入了解长江口生态系统中浮游植物的种类组成及其时空分布特征,为评估环境变化和人类活动对其多样性影响的机制提供方法和数据支持,进一步可为长江口的生态保护和资源合理利用奠定基础。

1 研究方法

1.1 采样点布设

长江口是一个呈三级分汊、四口入海形势的三角洲河口,其河槽被崇明岛分为南支和北支。此外,采样点应根据水文特征(如温度、透明度等)和环境因素(如光照、营养盐浓度等)进行选择,以确保反映浮游植物在不同环境条件下的分布特征,于 2024 年 5 月在长江口共布设 11 个采样点(见图 1),其中北支 5 个(HK01、HK02、HK03、HK04、HK05),南支 6 个(HK06、HK07、HK08、HK09、HK10、HK11)。

1.2 指标测定方法

该研究利用 YSI6600 水质分析仪现场测定温度(WT)、pH、溶解氧(DO)浓度、电导率(SPC)、盐度(SAL)、氧化还原电位(ORP)、总溶解性固体(TDS)浓度。透明度(SD)使用塞氏盘现场测定;总磷(TP)、总氮(TN)、悬浮物(SS)浓度参照《水和废水监测分析方法》(第四版)测定,其中,TP 浓度采用钼酸铵分光光度法测定,TN 浓度通过碱性过硫酸钾-紫外分光光度法测定,SS 浓度通过重量法测定^[27]。浮游植物 eDNA 样品采集时,每个点位设置 3 个重复,每个重复采集 5 L 表层水样,使用水环境 DNA 过滤仪(WD-3B,南京易基诺环保科技有限公司)和专利一体化 eDNA 过滤器(南京易基诺环保科技有限公司)进行富集,并加入 2.5 mL eDNA 保存液。

提取 eDNA 时采用 MT059 试剂盒(南京易基诺环保科技有限公司),并在 DNA 提取过程中设置空白样本作为阴性对照。通过 Qubit™ 4 Fluorometer(Q33226,美国赛默飞世尔科技公司)和超微量分光光度计(ND5000,无锡百泰克生物技术有限公司)检测 DNA 浓度($A_{260\text{ nm}}/A_{280\text{ nm}}$ 、 $A_{260\text{ nm}}/A_{230\text{ nm}}$)及纯度。使用真核藻类生物多样性检测试剂盒(BF04048,南京易基诺环保科技有限公司)进行 PCR 扩增,引物选用 Metafish 专利引物,体系包含 Taq Mix 25 μL 、引物 5 μL 、DNA 模板 2 μL 、ddH₂O 18 μL ,扩增条件为 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min, 25 个循环(95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 20 s, 62 $^{\circ}\text{C}$ 退火 20 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 15 s), 72 $^{\circ}\text{C}$ 终延伸 5 min。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳验证条带后,用 EClean 磁珠(南京易基诺环保科技有限公司)纯化,并基于 ND702-02 试剂盒(南京诺唯赞生物科技股份有限公司)构建 Ion Torrent 测序文库。测序采用 Ion Torrent Proton 平台(美国赛默飞世尔科技公司),实验全程设

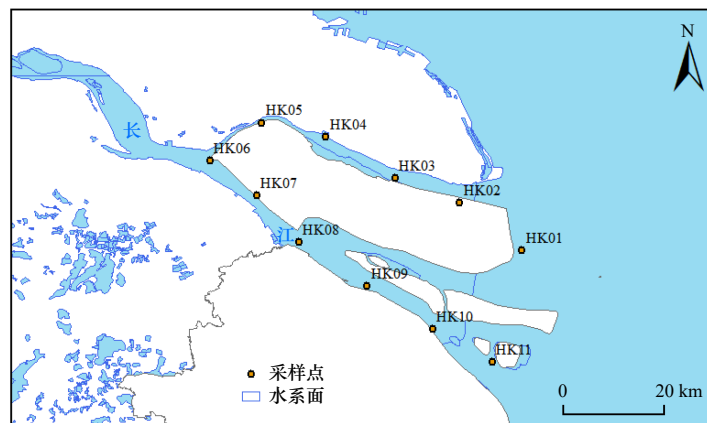


图 1 长江口采样点分布示意

Fig.1 Distribution diagram of sampling points in the Yangtze River Estuary

置 1 个阳性标准品和 3 个阴性对照 (ddH₂O 模板), 确保数据的可靠性。

1.3 数据处理

浮游植物的优势种根据优势度 (Y) 进行筛选, $Y > 0.02$ 为优势种 (属), $Y > 0.1$ 为绝对优势种 (属), 其计算公式为

$$Y = P_i \times f_i \quad (1)$$

式中, P_i 为第 i 个种相对丰度占浮游植物相对丰度的比例, f_i 为该种在各采样点中出现的频率。群落结构组成通过 R 语言 (v4.4.0) 计算 α -多样性指数, 包括 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数、Chao1 指数及 ACE 指数, 并绘制图表。在浮游植物与环境因子关系的分析中, 筛选相对丰度前十的物种, 构建真浮游植物种类组成数据矩阵, 然后对数据进行去趋势对应分析 (Detrended correspondence analysis, DCA), 分析结果显示排序轴的梯度长度值均小于 3, 故选用冗余分析 (Redundancy analysis, RDA)。RDA 分析过程中, 将物种数据进行 Helliger 转化, 环境因子数据进行 $\lg(x+1)$ 转化。

优势种与环境因子相关性通过 R 语言 (v4.4.2) psych 包的 corr.test() 函数计算 Spearman 相关系数; 群落 α -多样性指数 (Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数) 与环境因子的关联性通过 linkET 包的 mantel_test() 函数进行 Mantel 检验。共现网络分析基于 R(V4.03) “psych” 包生成浮游植物 Spearman 相关性矩阵, 设定 $r \geq 0.4$ 、 $P < 0.05$ 为阈值, 构建共现网络后导入 Gephi 0.10.1, 采用 Fruchterman-Reingold 布局可视化并按种类着色。计算网络拓扑参数 (平均节点度、聚类系数、平均路径长度、模块性、密度、直径) 并绘图。样点空间分布图利用 ArcGIS 10.8 软件绘制, 基于 R 语言 (v4.4.0) 进行 RDA 分析, 以评估环境因子对浮游植物群落结构的影响。

2 结果与分析

2.1 长江口春季浮游植物群落结构

研究期间, 基于 eDNA 技术鉴定出长江口春季共有 5 门 7 纲 17 目 30 科 42 属 67 种浮游植物, 隶属于硅藻纲 (Bacillariophyceae)、金藻纲 (Chrysophyceae)、绿藻纲 (Chlorophyceae)、隐藻纲 (Cryptophyceae)、甲藻纲 (Dinophyceae)、羽纹纲 (Pennatae)、中心纲 (Centricae) 等 7 个纲。

基于环境 DNA 采样数据所得的 OTU 值, 进一步计算出长江口春季浮游植物的优势种有 8 种 (见表 1), 包括汉斯冠盘藻 (*Stephanodiscus hantzschii*)、彼德森黄群藻 (*Synura petersenii*)、弯隐藻 (*Cryptomonas*

curvata)、内茧藻属 (*Entomoneis* sp.)、剪刺鱼鳞藻 (*Mallomonas tonsurata*)、放射舟形藻 (*Navicula radiosa*)、布氏双尾藻 (*Ditylum brightwellii*)、变异直链藻 (*Melosira varians*)。其中汉斯冠盘藻 (*Stephanodiscus hantzschii*) (占 40.3%) 和彼德森黄群藻 (*Synura petersenii*) (占 16.3%) 为绝对优势种。另外, 杰拉德海链藻 (*Thalassiosira guillardii*)、尖针杆藻 (*Synedra acus*)、玛氏骨条藻 (*Skeletonema marinoi*)、诺氏海链藻 (*Thalassiosira nordenskiöldii*) 平均相对丰度均高于 1% (见图 2)。

表 1 长江口春季浮游植物优势种

Table 1 Dominant phytoplankton species in the Yangtze River estuary in spring

优势种类	相对丰度/%	f_i (频率)	Y (优势度)
汉斯冠盘藻(<i>Stephanodiscus hantzschii</i>)	40.3	1.00	0.403
彼德森黄群藻(<i>Synura petersenii</i>)	16.3	1.00	0.163
弯隐藻(<i>Cryptomonas curvata</i>)	7.7	0.70	0.077
内茧藻属(<i>Entomoneis</i> sp.)	4.4	0.50	0.044
剪刺鱼鳞藻(<i>Mallomonas tonsurata</i>)	3.2	0.70	0.032
放射舟形藻(<i>Navicula radiosa</i>)	2.7	0.50	0.027
布氏双尾藻(<i>Ditylum brightwellii</i>)	2.4	0.70	0.024
变异直链藻(<i>Melosira varians</i>)	2.3	1.00	0.023

基于各采样点浮游植物的 OTU 值, 计算长江口春季浮游植物的 α -多样性指数与物种丰富度指数。其中, Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数反映浮游植物群落的多样性, Chao1 指数和 ACE 指数反映浮游植物群落的丰富度。由图 3 可见, Chao1 指数范围为 7~57, ACE 指数范围为 7~57, 两个指数的分布趋势一致, 其中 HK02 样点浮游植物群落丰富度最高, HK08 样点浮游植物群落丰富度最低。Shannon-Wiener 指数范围为 0.48~3.12, 其中 HK02 样点 Shannon-Wiener 指数最高, HK04 样点最低。Simpson 指数范围为 0.14~0.92, 其中 KH04 样点最低, 最高值出现在 HK02 样点, Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数趋势基本一致。

统计分析结果显示, 不同区域之间浮游植物群落的多样性 (Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数) 与丰富度 (Chao1 指数和 ACE 指数) 差异均不显著。Kruskal-Wallis H 检验结果显示, Shannon-Wiener 指数 ($H=10$, $p=0.441$) 与 Chao1 指数 ($H=10$, $p=0.441$) 在不同区域间差异不显著, Bonferroni 校正后的两两比较同样未发现显著差异 ($p > 0.05$)。

2.2 长江口春季浮游植物与环境因子相关性

将浮游植物在科、属及种分类水平相对丰度排

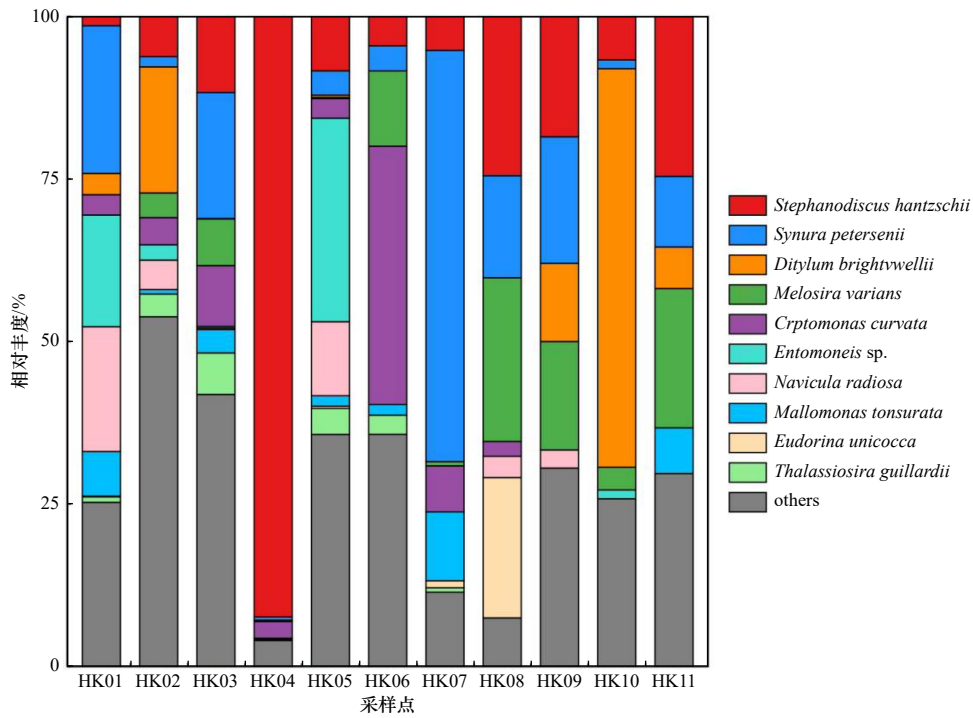


图 2 研究期间长江口浮游植物的群落结构组成

Fig.2 Composition and structure of phytoplankton communities in the Yangtze River Estuary during the research period

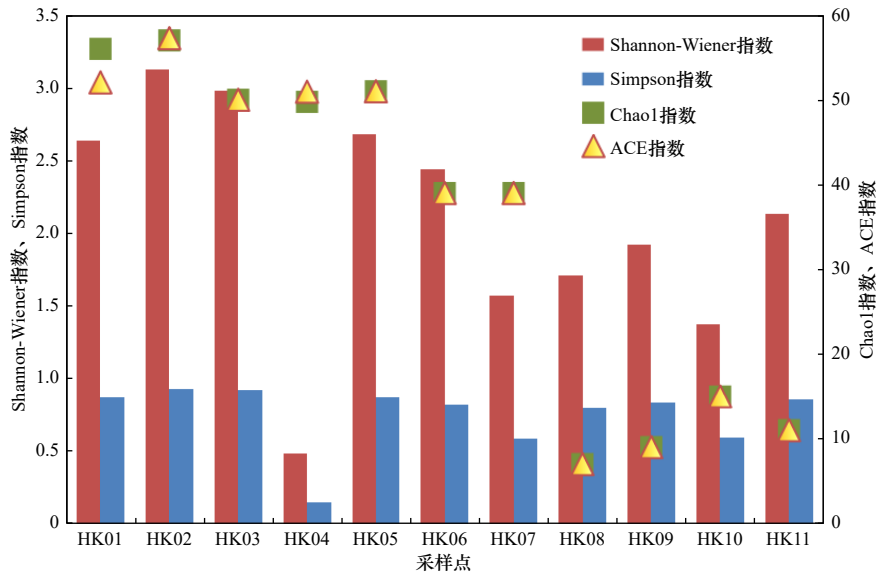


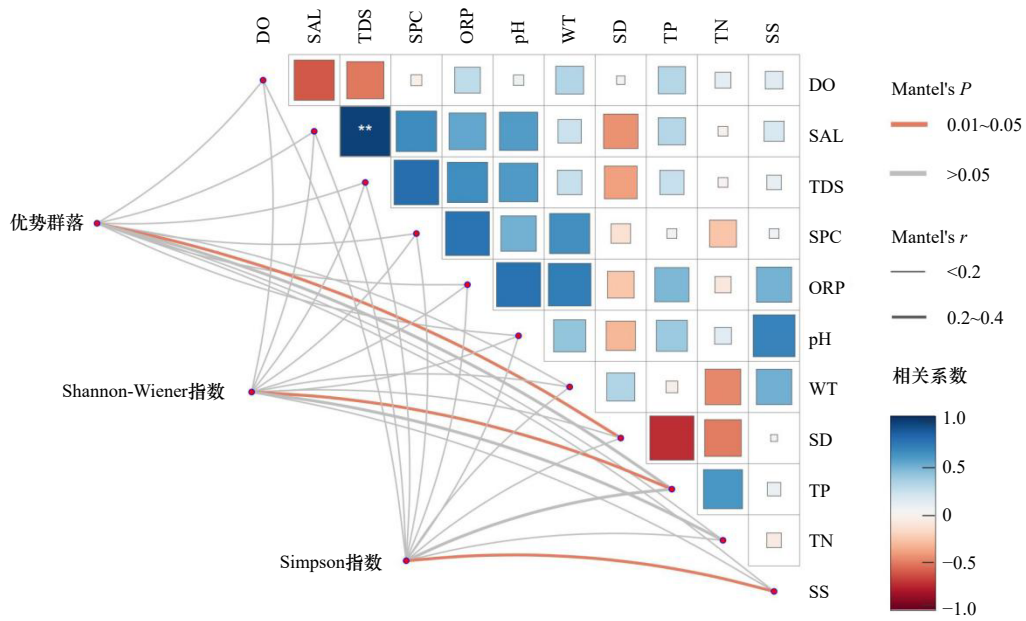
图 3 长江口浮游植物 α -多样性指数

Fig.3 Alpha diversity index of phytoplankton in the Yangtze River Estuary

名前 10 的群落和 α -多样性指数 (Simpson 及 Shannon-Wiener 指数) 与水环境参数进行 Mantel test 相关性分析, 以探究环境因子对优势浮游植物群落的影响, 结果如图 4 所示。由图 4 可见, TDS 浓度与 SAL 呈显著正相关 ($P < 0.01$), 且 SPC、OPR、WT、pH、SS 浓度之间相互呈正相关。长江口浮游植物优势群落受 SD 的影响显著 ($P < 0.05$), Mantel 相关性 r 值为 0.35。

浮游植物 α -多样性指数受 TP 和 SS 浓度的影响显著, Mantel 相关性 r 值分别为 0.27 和 0.38。

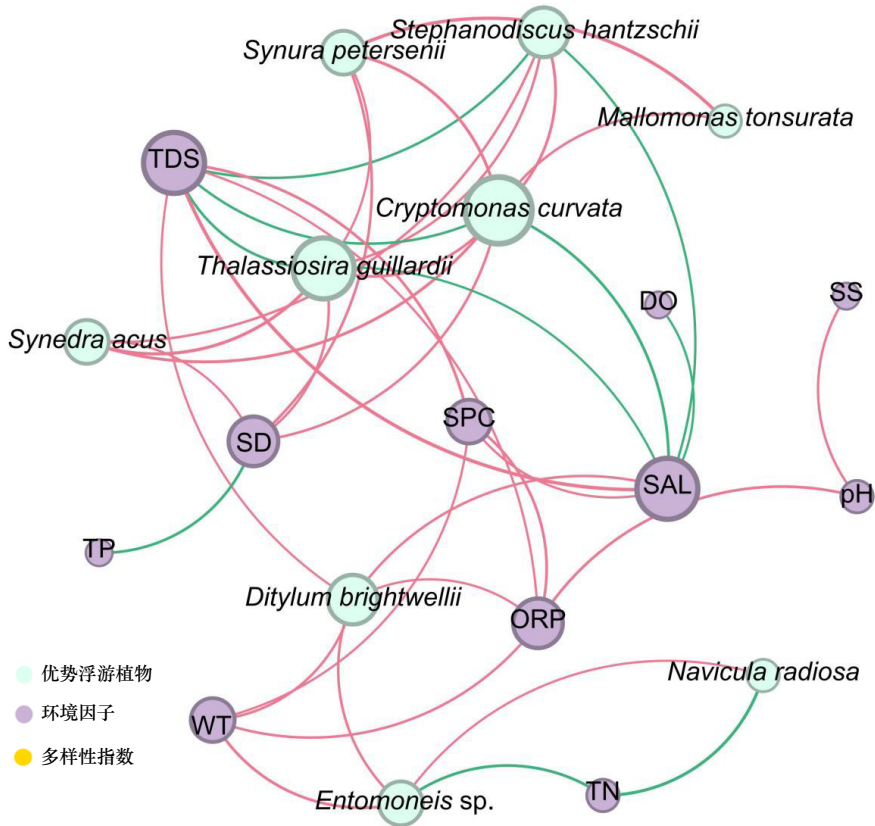
为探究环境因子与长江口浮游植物的相互作用关系, 将属水平上浮游植物相对丰度排名前 10 的种和 α -多样性指数 (Simpson 及 Shannon-Wiener 指数) 与环境因子进行共现网络分析, 结果如图 5 所示。由图 5 可见, 共现网络共有 80 条边、20 个节点。各节点



注: 图中用颜色梯度表示环境因子间的 Spearman 相关系数, 线条宽度对应于 Mantel 相关系数, 线条颜色表示基于 9 999 次排列的统计显著性, **表示 $P < 0.01$ 。SAL、SPC、ORP、WT、SD 分别表示盐度、电导率、氧化还原电位、温度和透明度, DO、TDS、TP、TN、SS 均表示其浓度。下同。

图 4 优势浮游植物与环境因子相关性分析

Fig.4 Correlation analysis between dominant phytoplankton and environmental factors



注: 图中网络节点的大小与节点度正相关, 红色与绿色的边线分别代表了各因子之间的正、负相关关系, 线条越粗相互作用关系越强。多样性指数与优势浮游植物、环境因子的相关性未达到所选的 $|r| \geq 0.4$ 、 $P < 0.05$ 阈值中, 因此未显示。

图 5 优势浮游植物与环境因子分子生态网络

Fig.5 Molecular ecological network of dominant phytoplankton and environmental factors

中 *Cryptomonas curvata* 的度 (8) 最高, 即 *Cryptomonas curvata* 与多个浮游植物及环境参数相互作用较强 ($r>0.4$); 其次为 *Thalassiosira guillardii*(7)。环境因子中 SAL 与 TDS 的度 (7) 最高, 与多个浮游植物种和环境因子呈正相关, 相互作用影响较大。浮游植物优势种间既有相互促进, 也有相互抑制。

将环境因子与优势浮游植物 (相对丰度排名前 10) 进行 RDA 分析, 结果如图 6 所示。由图 6 可见,

环境因子对优势浮游植物的解释率达 54.52%, 第 1 和第 2 排序轴分别贡献了 32.53% 和 21.99%。其中 WT、SD 和 TN 是影响长江口浮游植物的关键环境因子, 解释度达到显著水平 ($P<0.05$)。长江口北支样点主要分布在图中左侧区域, 主要与 WT 和 TN 浓度呈正相关, 与 SD 呈负相关。南支样点主要分布在图中右侧区域, 与 SD 和 pH 呈正相关, 与 WT 呈负相关。

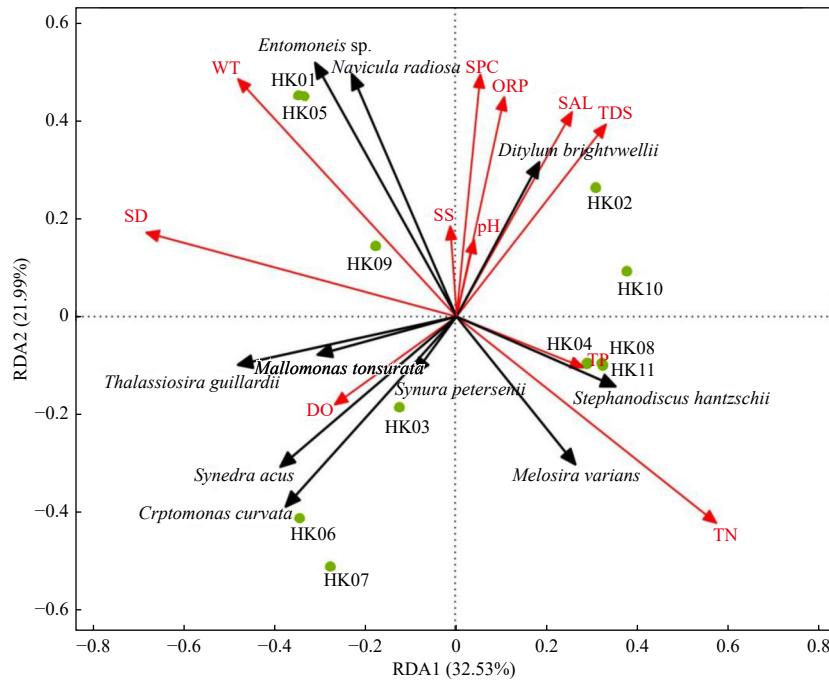


图 6 优势浮游植物与环境因子、采样点的 RDA 分析

Fig.6 RDA analysis of dominant phytoplankton, environmental factors and sampling points

3 讨论

3.1 环境 DNA 技术在研究河流水生生物多样性上的优势

河流水生生物多样性是评估生态系统健康的关键指标, 对维持生态平衡与提供生态服务至关重要。然而, 传统研究方法 (如网捕、电捕、人工观察) 存在诸多局限, 如对生物造成伤害、耗时费力、难以检测到稀有或濒危物种等^[28-29]。而 eDNA 技术在水生生物检测方面具有灵敏度高、对环境干扰少、方便快捷等优势, 已有研究表明, eDNA 技术应用于河流水生生物调查其检出率高于传统调查方法^[30-32]。在鱼类调查方面, 雷俊等^[33]在万泉河的研究中, 以科级水平对比两种方法发现, 两种方法检出的类群均以鲤科为主; 其中, eDNA 方法检出鱼类物种 76 种, 高于传统调查方法的 44 种; 蒋佩文等^[34]对珠江河口的调查发现, eDNA 可以检测到更多物种, 表明 eDNA 方法对

于物种的识别具有一定的准确性和可靠性。在浮游生物调查方面, 周心怡等^[35]在金沙江下游的研究中, 记录到浮游植物 148 属, 远超该河段此前记录的 52~100 种浮游植物物种数量; 程云山等^[36]基于 18S rRNA 基因高通量测序的 eDNA 技术检测浮游植物多样性的精确性高于形态学鉴定, 物种数是形态学检测到的 5.55 倍; 任艺晨等^[37]基于 COI 基因高通量测序的 eDNA 技术在抚仙湖能够获得更多的物种数。这些为该技术在长江口浮游植物调查中的应用提供了可行性依据。

尽管 eDNA 技术在物种检出数量上优于传统调查方法, 但其尚无法完全替代后者。该技术在河流水生生物多样性监测中存在多个维度的不足: 首先, 从采样到数据分析的整个流程中, 技术标准化不足可能产生系统性误差, 导致假阳性和假阴性风险^[38-41]。此外, eDNA 技术会受到采样环境、范围、时间以及

目标物种等多重因素的限制,使得研究者在提取 eDNA 的过程中操作方法不尽相同,因此想要对不同 eDNA 研究结果进行比较还存在一定的挑战。eDNA 技术本质上是检测“生物存在痕迹”,其生态信息深度不足制约了对生态系统健康的全面评估。同时,该技术无法直接观察生物本体或进行生物学测量(如获取浮游植物的形态特征、生物量等指标),因此仅能提供物种存在性数据。此外,构建并持续完善区域性参考数据库,是提升 eDNA 技术可用性、有效性和物种鉴定准确性的关键^[42-43]。

该研究采用 eDNA 技术来分析长江口春季浮游植物多样性,共鉴定出 5 门 7 纲 31 科 42 属 67 种,其中物种组成、优势种还是优势度较高的种类,硅藻门均占了很大的比重,与王婷等^[44]的研究结论一致,但多样性指标存在差异:南支水域浮游植物多样性更高,可能与研究区域及采样时间不同有关。另外,温度、氮磷等营养盐含量以及水体中的污染物种类、含量不同也可能是导致该差异的原因。未来研究将通过多季节采样与传统调查方法验证,监测生物多样性。

3.2 浮游植物的空间分布受外界环境因子影响

浮游植物的生长与水体环境密切相关,受到环境因子的综合影响^[45]。空间分布上,长江口北支浮游植物相对丰度高于南支,这与邵海燕^[46]等的研究存在差异,或与二者研究区域及调查时段不同有关。通过 Mantel 检验、分子生态网络分析,发现 SAL 和 TDS 是影响长江口浮游植物分布的主要环境因子,前者通过界定水体咸淡属性,筛选出广盐性类群的适生区域,后者作为水体溶解物质总量的综合指标,通过泥沙再悬浮释放营养及人类活动输入有机碳源,为浮游植物提供生长所需的物质基础,直接影响群落的基础丰度。二者的协同作用,使得 SAL 适配性强、依赖丰富营养供给的浮游植物在北支这类半咸水、高溶解固体的环境中形成分布优势。从时间尺度看,春季是藻类年际繁殖的峰值期,尤其适宜硅藻生长,该现象与鲍乾等^[47]在泸沽湖调查结果相似,但与陈丽丽等^[48]报道的 83 种(藻类)相比种类数偏低,可能由研究区域不同所致。

RDA 分析显示,SD、WT、TN 是影响长江口浮游植物优势种的关键环境因子。SD 低的水域(如近河口区域)由于悬浮颗粒物阻挡光照,抑制了光合作用,导致浮游植物群落向耐低光物种演替,从而改变浮游植物的垂直分布和群落组成,贾海波等^[49]的 CCA 分析结果表明,SD 与甲藻丰度呈显著相关,是影响其空间分布的最重要因子之一;高月鑫等^[50]的

RDA 分析则显示,SS、WT、SD 和 SAL 是影响浮游植物群落分布的主要环境因子,这与本研究的结果相似。

本研究采样期处于长江汛前退潮阶段,径流携带大量泥沙入海。北支受径流主导作用更强,泥沙输移量高,形成利于硅藻增殖的高浊度环境;南支则受潮汐冲刷影响显著,水体稳定性较低。同时,北支的半封闭水域特征促进了营养盐富集,而南支的强水交换作用导致营养盐快速扩散。这表明长江口浮游植物的空间分布受多重环境因子协同作用调控。

4 结论

a) 研究期间,在长江口春季共鉴定浮游植物 67 种,隶属于 5 门 7 纲 42 属,其中以硅藻门为主,金藻门和绿藻门次之。长江口春季浮游植物优势种有 8 种,其中汉斯冠盘藻 (*Stephanodiscus hantzschii*) 和彼德森黄群藻 (*Synura petersenii*) 为绝对优势种。 α -多样性分析显示,长江口北支浮游植物的丰富度与多样性均高于南支。

b) Mantel 检验、分子生态网络分析和 RDA 结果表明,长江口春季浮游植物群落分布受环境因子的影响较大,SAL 和 TDS 是影响浮游植物的关键因素,SD、WT、TN 影响浮游植物的多样性和优势群落结构组成。

参考文献 (References):

- [1] 上官欣欣,薛俊增,吴惠仙.长江口浮游植物群落结构的特征[J].上海海洋大学学报,2019,28(5):689-698.
SHANGGUAN X X,XUE J Z,WU H X.Ecological features of phytoplankton community in the Yangtze River Estuary[J].Journal of Shanghai Ocean University,2019,28(5):689-698.
- [2] 刘录三,李子成,周娟,等.长江口及其邻近海域赤潮时空分布研究[J].环境科学,2011,32(9):2497-2504.
LIU L S,LI Z C,ZHOU J,et al.Temporal and spatial distribution of red tide in Yangtze River Estuary and adjacent waters[J].Environmental Science,2011,32(9):2497-2504.
- [3] 杨颖,刘鹏霞,周红宏,等.近 15 年长江口海域海洋生物变化趋势及健康状况评价[J].生态学报,2020,40(24):8892-8904.
YANG Y,LIU P X,ZHOU H H,et al.Evaluation of the biodiversity variation and ecosystem health assessment in Changjiang estuary during the past 15 years[J].Acta Ecologica Sinica,2020,40(24):8892-8904.
- [4] 杨颖,徐韧.近 30a 来长江口海域生态环境状况变化趋势分析[J].海洋科学,2015,39(10):101-107.
YANG Y,XU R.The environment variation trend in the Changjiang River Estuary in the past 30a[J].Marine Sciences,2015,39(10):101-107.
- [5] 王孝程,解鹏飞,李晴,等.长江口海域生态环境状况及保护对策[J].环境科学研究,2020,33(5):1197-1205.

- WANG X C,XIE P F,LI Q,et al.Ecological environment of the Yangtze Estuary and protection countermeasures[J].*Research of Environmental Sciences*,2020,33(5):1197-1205.
- [6] 王思凯,苗中博,盛强,等.长江口崇明东滩盐沼湿地围垦工程对底栖动物群落的影响 [J].*生态学报*,2020,40(3):1021-1030.
- WANG S K,MIAO Z B,SHENG Q,et al.Effects of saltmarsh dike project on benthic community in Chongming Dongtan of the Yangtze Estuary [J].*Acta Ecologica Sinica*,2020,40(3):1021-1030.
- [7] 张志林,阮伟,刘桂平,等.长江口北支近期河势演变与航道资源开发研究 [J].*海洋工程*,2009,27(2):96-103.
- ZHANG Z L,RUAN W,LIU G P,et al.Recent river regime evolution of the North Branch of the Yangtze River estuary and development research of navigational channel resources [J].*The Ocean Engineering*,2009,27(2):96-103.
- [8] CHEN D,DAI Z J,XU R,et al.Impacts of anthropogenic activities on the Changjiang (Yangtze) estuarine ecosystem (1998-2012) [J].*Acta Oceanologica Sinica*,2015,34(6):86-93.
- [9] 谭皓月,曹慧群,卢士强,等.长江口 2022 年水动力及营养盐时空分布规律模拟研究 [J].*环境科学研究*,2025,38(2):272-281.
- TAN H Y,CAO H Q,LU S Q,et al.Numerical modelling of spatiotemporal evolution of hydrodynamics and nutrients in the Yangtze Estuary in 2022 [J].*Research of Environmental Sciences*, 2025,38(2):272-281.
- [10] 李俊龙,郑丙辉,刘录三,等.长江口浮游植物群落特征及其与环境的响应关系 [J].*环境科学研究*,2013,26(4):403-409.
- LI J L,ZHENG B H,LIU L S,et al.Phytoplankton community structure in the Yangtze River Estuary and its relation to environmental factors [J].*Research of Environmental Sciences*, 2013,26(4):403-409.
- [11] LU W Y,GAO Q,XU Z L.Variation of zooplankton ecological group during spring in China Estuaries [J].*Journal of Ocean University of China*,2019,18(2):501-508.
- [12] 何柄震,王艳,王彪,等.2016—2021 年长江口海域营养盐时空变化特征及其影响因素研究 [J].*环境科学研究*,2024,37(2):221-232.
- HE B Z,WANG Y,WANG B,et al.Spatiotemporal characteristics of nutrients in the Yangtze River Estuary from 2016 to 2021 and their influencing factors [J].*Research of Environmental Sciences*, 2024,37(2):221-232.
- [13] 贾海波,柴小平,黄备.2016—2019 年长江口海域季节性低氧对大型底栖动物群落的影响 [J].*海洋学研究*,2021,39(2):80-88.
- JIA H B,CHAI X P,HUANG B.Effect of seasonal hypoxia on macrobenthic communities in the Yangtze Estuary from 2016 to 2019 [J].*Journal of Marine Sciences*,2021,39(2):80-88.
- [14] DAI Z J,LIU J T,XIANG Y B.Human interference in the water discharge of the Changjiang (Yangtze River),China [J].*Hydrological Sciences Journal*,2015,60(10):1770-1782.
- [15] LU W H,XIANG X Q,YANG L,et al.The temporal-spatial distribution and changes of dissolved oxygen in the Changjiang Estuary and its adjacent waters for the last 50 a [J].*Acta Oceanologica Sinica*,2017,36(5):90-98.
- [16] BUMBAC C,MANEA E,BANCIU A,et al.Identification of physical,morphological and chemical particularities of mixed microalgae-bacteria granules [J].*Revista de Chimie*,2019,70(1): 275-277.
- [17] BESSEY C,NEIL-JARMAN S,SIMPSON T,et al.Passive eDNA collection enhances aquatic biodiversity analysis [J].*Communications Biology*,2021,4(1):236.
- [18] RISHAN S T,KLINE R J,RAHMAN M S.Applications of environmental DNA (eDNA) to detect subterranean and aquatic invasive species:a critical review on the challenges and limitations of eDNA metabarcoding [J].*Environmental Advances*,2023,12: 100370.
- [19] MÄCHLER E,DEINER K,STEINMANN P,et al.Utility of environmental DNA for monitoring rare and indicator macroinvertebrate species [J].*Freshwater Science*,2014,33(4): 1174-1183.
- [20] ABBOTT C,COULSON M,GAGNÉ,et al.Guidance on the use of targeted environmental DNA (eDNA) analysis for the management of aquatic invasive species and species at risk [M]. Ottawa,Canada:Canadian Science Advisory Secretariat (CSAS), 2021.
- [21] BENG K C,CORLETT R T.Applications of environmental DNA (eDNA) in ecology and conservation:opportunities,challenges and prospects [J].*Biodiversity and Conservation*,2020,29(7):2089- 2121.
- [22] YANG H L,DU H,QI H F,et al.Effectiveness assessment of using riverine water eDNA to simultaneously monitor the riverine and riparian biodiversity information [J].*Scientific Reports*,2021,11: 24241.
- [23] 周权,杜浩,王洁,等.基于环境 DNA 的长江中华鲟分布特征探究 [J].*环境工程技术学报*,2024,14(1):71-78.
- ZHOU Q,DU H,WANG J,et al.Distribution characteristics of Chinese sturgeon in the Yangtze River based on environmental DNA [J].*Journal of Environmental Engineering Technology*,2024, 14(1):71-78.
- [24] 王汝贤,杨刚,耿智,等.环境 DNA 技术在长江口鱼类多样性分析中的应用 [J].*水生生物学报*,2023,47(3):365-375.
- WANG R X,YANG G,GENG Z,et al.Application of environmental DNA technology in fish diversity analysis in the Yangtze River Estuary [J].*Acta Hydrobiologica Sinica*,2023, 47(3):365-375.
- [25] 徐艳格,周超,李博,等.基于 DNA 宏条形码的长江口邻近海域夏、冬季浮游动物群落结构特征研究 [J].*海洋环境科学*,2025, 44(2):236-246.
- XU Y G,ZHOU C,LI B,et al.Characterization of zooplankton community structure in summer and winter on the Yangtze River Estuary and adjacent waters based on DNA metabarcoding [J].*Marine Environmental Science*,2025,44(2):236-246.
- [26] RUPPERT K M,KLINE R J,RAHMAN M S.Past,present,and

- future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: a systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2019, 17: e00547.
- [27] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 [M]. 4 版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [28] 民进北京市委. 完善监测评价体系 保护水生生物多样性 [J]. *北京观察*, 2024(11): 18.
- [29] 李黎, 王瑜, 林岩璇, 等. 河流生态系统指示生物与生物监测: 概念、方法及发展趋势 [J]. *中国环境监测*, 2018, 34(6): 26-36.
LI L, WANG Y, LIN K X, et al. Bioindicator and biomonitoring used for river ecosystem: concepts, approaches and trends [J]. *Environmental Monitoring in China*, 2018, 34(6): 26-36.
- [30] 谷思雨, 陈凯, 金小伟, 等. 水生生物环境 DNA 监测技术的发展、应用与标准化 [J]. *水生生物学报*, 2024, 48(8): 1443-1458.
GU S Y, CHEN K, JIN X W, et al. Development, applications, and standardization of environmental DNA monitoring technology for aquatic organisms [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2024, 48(8): 1443-1458.
- [31] REES H C, MADDISON B C, MIDDLEDITCH D J, et al. REVIEW: the detection of aquatic animal species using environmental DNA: a review of eDNA as a survey tool in ecology [J]. *Journal of Applied Ecology*, 2014, 51(5): 1450-1459.
- [32] ZOU K S, CHEN J W, RUAN H T, et al. eDNA metabarcoding as a promising conservation tool for monitoring fish diversity in a coastal wetland of the Pearl River Estuary compared to bottom trawling [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 702: 134704.
- [33] 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.
LEI J, SU Y Y, YIN L Z, et al. Comparative study of fish diversity in Wanquan River based on environmental technology and traditional fishing gear survey methods [J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2025, 46(2): 147-161.
- [34] 蒋佩文, 李敏, 张帅, 等. 基于环境 DNA 宏条码和底拖网的珠江河口鱼类多样性 [J]. *水生生物学报*, 2022, 46(11): 1701-1711.
JIANG P W, LI M, ZHANG S, et al. Investigating the fish diversity in Pearl River estuary based on environmental DNA metabarcoding and bottom trawling [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2022, 46(11): 1701-1711.
- [35] 周心怡, 周雄冬, 张家豪, 等. 金沙江下游水电开发对浮游植物多样性及群落构建的影响机制 [J]. *中国科学: 技术科学*, 2025, 55(3): 540-552.
ZHOU X Y, ZHOU X D, ZHANG J H, et al. Mechanisms of the impact of hydropower development on phytoplankton diversity and community assembly in the lower Jinsha River [J]. *Scientia Sinica (Technologica)*, 2025, 55(3): 540-552.
- [36] 程云山, 任艺晨, 席貽龙, 等. 基于环境 DNA 技术和形态学鉴定的浮游植物多样性比较 [J]. *湖泊科学*, 2024, 36(5): 1336-1355.
CHENG Y S, REN Y C, XI Y L, et al. Comparative study on the biodiversity of phytoplankton based on environmental DNA technology and morphological identification [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2024, 36(5): 1336-1355.
- [37] 任艺晨, 范方威, 席貽龙, 等. 基于 eDNA 技术和形态学鉴定的抚仙湖浮游动物多样性比较 [J/OL]. *湖泊科学*, 2025: 1-17. (2025-05-15). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.P.20250515.1035.004.html>.
REN Y C, FAN F W, XI Y L, et al. Comparative study on the biodiversity of zooplankton in Lake Fuxian based on environmental DNA technology and morphological identification [J/OL]. *Journal of Lake Sciences*, 2025: 1-17. (2025-05-15). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.P.20250515.1035.004.html>.
- [38] 王学助, 孟维钊, 王丛丛, 等. 环境 DNA 技术在长江口水生生物监测中的应用潜力 [J]. *应用海洋学学报*, 2021, 40(3): 547-554.
WANG X F, MENG W Z, WANG C C, et al. Potential application of environmental DNA technology in monitoring aquatic organisms in the Yangtze Estuary [J]. *Journal of Applied Oceanography*, 2021, 40(3): 547-554.
- [39] 黎慧, 阙霞, 魏宁, 等. 一种水环境 eDNA 提取方法的建立 [J]. *安徽农业科学*, 2019, 47(9): 108-110.
LI H, KAN X, WEI N, et al. Establishment of a method for environmental DNA extraction from water samples [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2019, 47(9): 108-110.
- [40] 单秀娟, 李苗, 王伟继. 环境 DNA (eDNA) 技术在水生生态系统中的应用研究进展 [J]. *渔业科学进展*, 2018, 39(3): 23-29.
SHAN X J, LI M, WANG W J. Application of environmental DNA technology in aquatic ecosystem [J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2018, 39(3): 23-29.
- [41] BRADLEY I M, PINTO A J, GUEST J S. Design and evaluation of illumina MiSeq-compatible, 18S rRNA gene-specific primers for improved characterization of mixed phototrophic communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2016, 82(19): 5878-5891.
- [42] 秦传新, 左涛, 于刚, 等. 环境 DNA 在水生生态系统生物量评估中的研究进展 [J]. *南方水产科学*, 2020, 16(5): 123-128.
QIN C X, ZUO T, YU G, et al. Advances in research of environmental DNA (eDNA) in biomass assessment of aquatic ecosystems [J]. *South China Fisheries Science*, 2020, 16(5): 123-128.
- [43] 钟文军, 姚蒙, 金小伟, 等. 淡水环境 DNA (eDNA) 技术领域发展: 成就与挑战 [J/OL]. *湖泊科学*, 2025: 1-6. (2025-05-20). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.P.20250520.1119.006.html>.
ZHONG W J, YAO M, JIN X W, et al. Development of freshwater environmental DNA (eDNA): achievements and challenges [J/OL]. *Journal of Lake Sciences*, 2025: 1-6. (2025-05-20). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.P.20250520.1119.006.html>.
- [44] 王婷, 丁玲, 郑磊夫. 长江口浮游生物群落结构特征及水质评价 [J]. *水产科技情报*, 2025, 52(3): 173-179.
WANG T, DING L, ZHENG L F. Characteristics of the plankton

- community and water quality evaluation in the Yangtze River Estuary[J]. Fisheries Science & Technology Information, 2025, 52(3):173-179.
- [45] 欧阳添,赵璐,纪璐璐,等.蓝藻水华过程中优势种群演替模式、效应及驱动因子分析[J].环境科学,2022,43(10):4480-4488.
OUYANG T,ZHAO L,JI L L,et al.Succession pattern and consequences of the dominant species during cyanobacterial bloom and its influencing factors[J].Environmental Science,2022, 43(10):4480-4488.
- [46] 邵海燕,王卿,高春霞,等.长江口浮游植物群落特征及影响因素分析[J].大连海洋大学学报,2024,39(1):124-133.
SHAO H Y,WANG Q,GAO C X,et al.Analysis of phytoplankton community characteristics and influencing factors in the Yangtze River Estuary[J].Journal of Dalian Ocean University,2024,39(1): 124-133.
- [47] 鲍乾,贺海波,唐皓,等.泸沽湖浮游植物群落结构时空特征及其环境驱动因子[J/OL].湖泊科学,2025:1-18.(2025-01-27).<https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.p.20250125.1314.004.html>.
BAO Q,HE H B,TANG H,et al.Spatial and temporal characteristics of phytoplankton community structure and their driving environmental factors in Lake Lugu[J/OL].Journal of Lake Sciences,2025:1-18.(2025-01-27).<https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1331.p.20250125.1314.004.html>.
- [48] 陈丽丽.长江口浮游植物群落结构特征的年际变化[J].环境生态学,2024,6(5):61-66.
CHEN L L.Interannual variation of phytoplankton community structure in the Yangtze River estuary[J].Environmental Ecology, 2024,6(5):61-66.
- [49] 贾海波,胡颖琰,邵君波,等.长江口及其邻近海域春秋季节浮游植物群落及环境影响因子研究[J].海洋环境科学,2013,32(6):851-855.
JIA H B,HU H Y,SHAO J B,et al.Community structure and environmental factors of phytoplankton in Changjiang Estuary and adjacent sea in spring and autumn[J].Marine Environmental Science,2013,32(6):851-855.
- [50] 高月鑫,江志兵,曾江宁,等.春季长江口北支邻近海域浮游植物群落及其影响因子[J].海洋通报,2018,37(4):430-439.
GAO Y X,JIANG Z B,ZENG J N,et al.Phytoplankton community in relation to environment factors off the north branch of the Yangtze River Estuary[J].Marine Science Bulletin,2018,37(4): 430-439.

(责任编辑:张蕊)